INNOVATIONS IN SUSTAINABLE CROP SYSTEMS:

STRESS ADAPTATION, ALTERNATIVE FORAGES, AND POSTHARVEST TECHNOLOGIES

Editör:
Prof. Dr. Hazım Serkan TENİKECİER



BİDGE Yayınları

BİDGE Yayınları

Innovations in Sustainable Crop Systems: Stress Adaptation, Alternative Forages, and Postharvest Technologies

Editor: Prof. Dr. Hazım Serkan TENİKECİER

ISBN: 978-625-5057-20-4

1st Edition
Page Layout By: Gözde YÜCEL
Publication Date: 2026-10-25
BİDGE Yayınları

All rights reserved. No part of this work may be reproduced in any form or by any means, except for brief quotations for promotional purposes with proper source attribution, without the written permission of the publisher and the editor.

Certificate No: 71374
All rights reserved © BİDGE Yayınları
www.bidgeyayinlari.com.tr - bidgeyayinlari@gmail.com
Krc Bilişim Ticaret ve Organizasyon Ltd. Şti.
Güzeltepe Mahallesi Abidin Daver Sokak Sefer Apartmanı No: 7/9 Çankaya / Ankara

PREFACE

SAgricultural production systems are increasingly challenged by climate change, water scarcity, environmental pressures, and the growing demand for food and feed. Drought and other abiotic stresses significantly affect crop growth, productivity, and quality, highlighting the need for innovative approaches to improve crop resilience and ensure sustainable field crop production. Addressing these challenges requires an integrated perspective that connects plant science, crop improvement, sustainable forage production, and postharvest technologies. The book Innovations in Sustainable Field Crop Systems: Stress Adaptation, Alternative Forages, and Postharvest Technologies brings together scientific perspectives on these interconnected topics. It explores plant responses to drought stress, post-drought recovery, and changes in phenylpropanoid metabolism, providing insights into the physiological and biochemical mechanisms underlying stress adaptation. Understanding these processes is essential for improving crop resilience under increasingly variable environmental conditions. Advances in phenotyping, omics technologies, and genome-assisted breeding offer new opportunities to identify and improve traits associated with abiotic stress tolerance. These approaches, particularly in crops such as common bean, can contribute to the development of cultivars better adapted to environmental challenges. In addition, drought-tolerant alternative forage plants offer promising opportunities to diversify forage resources, enhance production stability, and improve the efficient

use of limited water resources. Sustainable crop production also depends on effective postharvest management. Smart and innovative storage technologies play an important role in preserving the quality of agricultural products, reducing losses, and improving resource efficiency throughout the production chain. Together, these approaches demonstrate the importance of integrating advances in plant physiology, crop breeding, forage production, and storage technologies to strengthen agricultural sustainability. This book is intended for researchers, academics, graduate students, and agricultural professionals working in field crop science and related disciplines. By bringing together complementary research areas, it aims to encourage interdisciplinary collaboration, stimulate further scientific inquiry, and contribute to the development of resilient and sustainable agricultural systems. We sincerely thank all contributing authors and everyone involved in the preparation of this book. We hope that this book will serve as a valuable scientific resource and inspire further advances in sustainable field crop systems. Assoc.

Prof. Dr. Hazım Serkan TENİKECİER

TEKİRDAĞ NAMIK KEMAL UNİVERSITY

CONTENTS

DROUGHT STRESS AND POST-DROUGHT RECOVERY IN PLANTS 1
UĞUR TAN, HATİCE KÜBRA GÖREN

EFFECTS OF DROUGHT ON PHENYLPROPANOID METABOLISM IN PLANTS 26
UĞUR TAN

NEW APPROACHES IN SUSTAINABLE FORAGE PRODUCTION: DROUGHT-TOLERANT ALTERNATIVE PLANTS 50
TİMUÇİN TAŞ, ASLIHAN SUR

FASULYEDE ABİYOTİK STRES TOLERANSININ GELİŞTİRİLMESİNDE FENOTİPLEME, OMİK TEKNOLOJİLERİ VE GENOM DESTEKLİ ISLAH 90
ÜMİT GİRGEL

TARLA BİTKİLERİ ÜRÜNLERİNİN DEPOLANMASINDA AKILLI VE YENİLİKÇİ TEKNOLOJİLER: KALİTENİN KORUNMASI VE KAYIPLARIN AZALTILMASI 121
HAKAN KİBAR

CHAPTER 1

DROUGHT STRESS AND POST-DROUGHT RECOVERY IN PLANTS

UĞUR TAN[1], HATİCE KÜBRA GÖREN[1]

Introduction

Drought constrains plant performance by disturbing the balance between water acquisition, water loss, carbon assimilation, and growth. Its biological effects depend on how quickly soil dries, how long water remains limiting, and the developmental stage at which stress occurs. Plants exposed to the same rainfall deficit can therefore experience different levels of dehydration. Understanding drought requires attention to the soil–plant–atmosphere continuum and to the regulatory processes that preserve viable tissues while restricting water consumption (Gupta, Rico-Medina, & Caño-Delgado, 2020; Tardieu, Simonneau, & Muller, 2018).

The return of water initiates another biologically important phase. Rehydration may restore turgor rapidly, whereas photosynthesis, root activity, and biomass accumulation can remain

[1] Associate Professor, Aydın Adnan Menderes University, Faculty of Agriculture, Department of Field Crops, Aydın, Türkiye. ORCID: 0000-0002-9592-2790.
[1] Associate Professor Hatice Kübra Gören, Aydın Adnan Menderes University, Faculty of Agriculture, Department of Field Crops, Aydın, Türkiye. ORCID: 0000-0001-7654-1450.

impaired. Conversely, some processes are activated specifically after rewatering. Drought resistance and recovery capacity must consequently be considered together when evaluating resilience. This section examines the physiological, biochemical, and molecular foundations of drought responses and subsequent recovery, with emphasis on the mechanisms that connect immediate rehydration to sustained growth and productivity. It also discusses stress memory, differences among experimental systems, and practical approaches for measuring recovery (Ruehr, Grote, Mayr, & Arneth, 2019; Wang & Xu, 2026).

Drought Resistance, Recovery, and Resilience

Drought resistance encompasses several strategies. Escape allows plants to complete sensitive stages before water becomes severely limiting. Avoidance preserves tissue hydration through reduced transpiration, altered leaf development, or access to additional soil water. Tolerance enables cells and organs to remain functional at low water potential through protective and metabolic adjustments. These strategies overlap, and their value changes with the drought scenario. A conservative genotype may perform well during prolonged water shortage but sacrifice carbon gain when short dry periods are followed by substantial rainfall (Gupta, Rico-Medina, & Caño-Delgado, 2020; Tardieu, Simonneau, & Muller, 2018).

Recovery describes the restoration of a specified function after stress relief. Resilience concerns the ability to maintain or regain performance across disturbance and recovery. Neither can be represented adequately by survival alone. A surviving plant may have lost considerable leaf area, reproductive potential, or hydraulic capacity. Experimental evidence in *Arabidopsis* shows that improved survival under severe water limitation does not necessarily predict superior growth under moderate drought. Consequently,

breeding objectives and research endpoints must distinguish survival, physiological recovery, growth recovery, and final production (Skirycz, et al., 2011).

Recovery also requires a defined reference. Returning to the prestress photosynthetic rate may be insufficient if continuously watered plants have increased their rate during development. Likewise, restoration of current growth does not erase biomass that was never produced during drought. An age-matched control permits assessment of the remaining performance gap, whereas the prestress baseline establishes the size of the disturbance. Reporting both helps distinguish reversibility from lasting drought legacies (Anderegg, et al., 2015; Claeys & Inzé, 2013).

Water Status, Hydraulics, and Stomatal Regulation

As soil dries, water becomes more difficult to extract, and hydraulic resistance increases along the transport pathway. The same volumetric water content can correspond to different soil water potentials in different substrates. Soil moisture percentages therefore require substrate-specific interpretation. Tissue water potential, relative water content, and osmotic potential provide complementary information: water potential describes the energetic state of water, relative water content describes hydration relative to a turgid reference, and osmotic potential reflects the contribution of dissolved solutes (Verslues, et al., 2006).

The rhizosphere can become a major hydraulic bottleneck before extensive xylem damage develops. Declining conductivity near roots steepens local water-potential gradients, particularly where extraction is rapid. Root shrinkage and changes in the physical properties of the root–soil interface may further restrict flow. Stomatal closure limits transpiration and can prevent excessively negative water potentials close to the root surface. Thus, stomatal

behavior cannot always be explained by stem xylem vulnerability alone (Carminati, et al., 2020).

Abscisic acid (ABA) coordinates important drought responses. In the core signalling pathway, ABA-bound PYR/PYL/RCAR receptors inhibit clade A protein phosphatases, allowing SnRK2 kinases to activate downstream targets. Guard-cell ion transport and stress-responsive transcription contribute to water conservation. ABA-dependent responses interact with additional regulatory pathways rather than forming an isolated switch. AREB/ABF transcription factors and DREB2A illustrate the integration of ABA-dependent and ABA-independent control of osmotic-stress responses (Cutler, Rodriguez, Finkelstein, & Abrams, 2010; Yoshida, Mogami, & Yamaguchi-Shinozaki, 2014).

Under severe dehydration, air entry into xylem conduits reduces hydraulic transport. Hydraulic failure can set a limit on subsequent recovery, especially in woody plants. However, stomatal closure, loss of turgor, xylem embolism, and cellular death are distinct events. Their sequence and thresholds vary among species and organs. A plant that rehydrates externally may still have insufficient transport capacity to support its former canopy, making organ-specific hydraulic assessment essential when severe drought is investigated (Brodribb & Cochard, 2009; Choat, et al., 2018).

Photosynthesis and Carbon Balance During Drought

Drought reduces photosynthesis through several interacting limitations. Stomatal closure restricts CO_2 entry, while reduced mesophyll conductance decreases movement from intercellular air spaces to chloroplasts. With increasing stress, limitations associated with photochemistry, ATP supply, and carbon-fixation metabolism may become more important. A reduction in net assimilation therefore does not, by itself, establish damage to Rubisco or photosystem II. Interpretation requires consideration of CO_2

diffusion and the severity and duration of tissue dehydration (Chaves, Flexas, & Pinheiro, 2009; Flexas, Bota, Galmés, Medrano, & Ribas-Carbó, 2006).

In a comparative study of Mediterranean species, stomatal and mesophyll limitations increased during water stress, while biochemical limitations became substantial at more severe stress. Mesophyll conductance was also important during photosynthetic recovery. This evidence demonstrates why reopened stomata do not necessarily indicate restored carbon assimilation. Gas exchange should ideally be combined with fluorescence and, where feasible, methods that estimate mesophyll conductance. The relative importance of individual limitations remains dependent on species and experimental conditions (Galmés, Medrano, & Flexas, 2007).

Reduced assimilation changes whole-plant carbon balance because respiration and maintenance requirements continue. Soluble sugars can accumulate in some tissues through starch mobilization, reduced growth demand, or redistribution even while total carbon acquisition declines. Their accumulation should therefore not automatically be interpreted as greater photosynthetic production. During drought, carbon serves competing requirements, including maintenance, osmotic adjustment, defense, and storage. Recovery subsequently depends on both restored assimilation and the availability and allocation of reserves (Flexas, Bota, Galmés, Medrano, & Ribas-Carbó, 2006).

Osmotic Adjustment and Redox Protection

Osmotic adjustment involves regulated solute accumulation that lowers osmotic potential and helps sustain turgor at reduced water potential. Compatible solutes include proline and selected carbohydrates, although their contribution varies with species and tissue. Proline also participates in metabolic and redox regulation. High proline concentration is consequently an informative response

marker but not a universal measure of drought tolerance. Its interpretation improves when concentration is considered alongside tissue hydration, growth, and the activities of synthesis and degradation pathways (Szabados & Savouré, 2010; Verslues, et al., 2006).

Reactive oxygen species (ROS) connect stress perception with cellular regulation. When production exceeds the capacity for controlled processing, oxidative modifications can impair membranes, proteins, and metabolic functions. Yet ROS also transmit signals involved in acclimation. The objective of redox regulation is therefore not elimination of all ROS. Instead, plants coordinate ROS production, compartment-specific scavenging, and signaling so that protective responses are activated without uncontrolled oxidative damage (Noctor, Mhamdi, & Foyer 2014).

Ascorbate and glutathione contribute to this coordination through antioxidant reactions and redox-sensitive regulation. Ascorbate peroxidase uses ascorbate to reduce hydrogen peroxide; regeneration pathways link ascorbate, glutathione, and reducing power. Measuring total antioxidant pools alone does not reveal their oxidation state. Reduced and oxidized forms, enzyme activities, and damage indicators provide a more useful assessment of whether redox balance is maintained. Changes in antioxidant capacity should be interpreted as part of a dynamic system rather than as an isolated positive trait (Foyer & Noctor, 2011).

Medicinal and aromatic plants add another dimension because drought can alter specialized metabolites as well as biomass. A meta-analysis of 27 studies identified substantial responses in enzymatic antioxidants, relative water content, and yield. Changes in essential-oil concentration or phenolic content nevertheless require separate evaluation from harvestable output. A concentration increase can coexist with reduced plant mass, and responses measured during drought cannot establish that product quantity or

composition will return to the control state after rewatering (Tan & Gören, 2024).

Rewatering as an Active Physiological Transition

Rewatering restores the external water supply but does not immediately remove every internal limitation. Rehydration, reopening of stomata, restoration of hydraulic conductance, repair of cellular components, and renewed growth occur on different timescales. Their order is not fixed across plant groups. Recovery can be rapid after moderate stress that preserves tissue integrity, whereas severe damage may require replacement of leaves, roots, or conducting tissues. Distinguishing the first response to water from sustained functional recovery prevents overestimation of resilience (Ruehr, Grote, Mayr, & Arneth, 2019).

Recent evidence from soybean and the woody shrub *Caragana korshinskii* illustrates this asynchronous behavior. After moderate water stress, root and stem hydraulic conductance recovered faster than leaf hydraulic conductance. Stomatal conductance recovered more slowly than assimilation, maintaining relatively high intrinsic water-use efficiency. These findings identify the leaf hydraulic pathway as a possible constraint after root water supply has improved. They also show that recovery mechanisms cannot be inferred solely from the behavior of one organ (Li, et al., 2025).

Persistent xylem embolism provides a contrasting example. In Scots pine seedlings subjected to severe drought, measurements combining microtomography and hydraulic methods showed no recovery of embolized xylem within two days or after four weeks of rewatering. Plants survived and partly restored gas exchange, but transport impairment persisted. This result should not be generalized to all species; it demonstrates that survival and partial assimilation

recovery can occur without rapid restoration of the original conducting system (Rehschuh, et al., 2020).

The amount of damage also reflects stress history. In Norway spruce, cumulative measures combining water deficit with exposure duration explained recovery more effectively than considering minimum water potential alone. Short and prolonged drought treatments produced different levels of embolism and canopy recovery. A single end-of-stress measurement can therefore conceal differences in accumulated injury. Where possible, drought characterization should include the trajectory of water status and time spent beyond biologically relevant thresholds (Knüver, et al., 2025).

Table 1 Functional patterns during post-drought recovery

Observed pattern	**Likely interpretation**	**Assessment priority**
Hydration improves before assimilation	Water supply returns while internal limitations persist	Measure water status and gas exchange together
Root transport recovers before leaf transport	Hydraulic recovery differs among organs	Evaluate root and leaf conductance separately
Gas exchange improves while embolism persists	Partial recovery occurs despite structural damage	Assess conductance and surviving canopy
Metabolites normalize before proteins	Molecular adjustment continues after pool restoration	Combine metabolic and protein measurements
Growth resumes but biomass remains lower	Current function recovers while a production gap persists	Track growth rates and accumulated biomass

Source: Author synthesis based on (Claeys & Inzé, 2013; Li, et al., 2025; Lyon, et al., 2016; Rehschuh, et al., 2020).

Table 1 summarizes functional interpretations of recovery. The listed patterns are diagnostic possibilities rather than a universal

sequence. A complete assessment combines water status, gas exchange, tissue integrity, and growth so that a rapid improvement in one variable does not obscure persistent limitations elsewhere.

Metabolic Reorganization and Cellular Repair

Recovery requires withdrawal from some drought-induced protective states and restoration of processes supporting growth. Solute redistribution, protein renewal, and changes in metabolic demand can continue after tissue hydration improves. Proteomic and metabolomic analysis in *Medicago truncatula* demonstrated distinct regulatory phases during drought and recovery, including changes in protein turnover. Metabolite normalization and protein adjustment did not always proceed together. These findings support treating recovery as a regulated transition with its own requirements for cellular resources (Lyon, et al., 2016).

Proline metabolism exemplifies this transition. Drought-induced accumulation is often followed by increased utilization after stress relief, although regulation is tissue dependent and more complex than a simple synthesis-on, degradation-off model. Proline dehydrogenase and subsequent reactions can connect stored proline to glutamate metabolism and mitochondrial processes. Research on low-water-potential stress and recovery showed that ABA and feedback from proline do not account for all transcriptional regulation of this pathway. Persistent proline should therefore be evaluated in relation to turnover and recovery stage (Sharma & Verslues, 2010; Szabados & Savouré, 2010).

Glutathione metabolism links repair, sulfur-containing metabolites, and redox control. Because glutathione contains cysteine, sulfur availability and cysteine metabolism can influence antioxidant capacity, but a rise in sulfur-related transcripts is not direct evidence of increased glutathione synthesis. The pool size, redox state, and metabolic flux must be distinguished. Glutathione

measurements paired with precursor abundance and relevant enzyme activities can clarify whether recovery involves antioxidant replenishment, altered redox signaling, or both (Noctor, et al., 2012).

Cellular recovery also depends on the relationship between existing tissue and newly produced tissue. Replacement of damaged components can restore function without returning the entire molecular profile to its prestress state. Conversely, normal metabolite concentrations may coexist with continued repair costs. These observations motivate parallel measurements of protein abundance, turnover, enzyme activity, and growth rather than assigning recovery from one molecular endpoint (Lyon, et al., 2016; Noctor, et al., 2012).

Gene Regulation and Recovery-Specific Cell States

Rehydration does not merely reverse all dehydration-induced transcription. Early microarray analysis in *Arabidopsis* identified genes induced during rehydration despite little change during dehydration. This distinction established that the return of water can activate specific expression programs. Recovery-associated transcription may accompany renewed metabolism, transport, cellular organization, and regulatory resetting, while some stress-associated expression persists. Such categories need comparison with time-matched controls because normal developmental and diurnal changes also affect transcript abundance (Oono, et al., 2003).

A 2025 study extended this concept using a fine-scale RNA-sequencing time series, single-nucleus transcriptomics, and spatial validation. Sampling began 15 minutes after rehydration. The study identified rapid recovery-specific expression and recovery-associated cell states in *Arabidopsis* leaves. It also demonstrated drought recovery-induced immunity, with enhanced pathogen resistance in *Arabidopsis* and wild and domesticated tomato. This establishes that early recovery can include defense activation

alongside restoration of water balance. The proposed ecological benefit during microbial proliferation after rewetting remains a broader interpretation requiring validation under natural conditions (Illouz-Eliaz, et al., 2025).

These results change the interpretation of bulk transcriptomes. An apparent whole-leaf increase may arise from a strong response in a subset of cells, whereas opposing responses can be obscured by averaging. Recovery should therefore be examined at the appropriate spatial resolution. Bulk RNA sequencing remains useful for temporal comparisons, but selected cell populations or spatial methods can clarify which tissues initiate a response and which support the eventual return of organ function (Illouz-Eliaz, et al., 2025; Oono, et al., 2003).

Transcript abundance must also be separated from metabolic activity. RNA synthesis, turnover, protein translation, and degradation operate on different timescales. The disappearance of a drought-induced transcript does not establish immediate removal of its protein product, and restored expression of a biosynthetic pathway does not prove restored flux. Integrating expression with enzyme activities, metabolites, and physiological measurements offers a stronger explanation of recovery than assigning mechanisms from expression changes alone (Crisp, Ganguly, Eichten, Borevitz, & Pogson, 2016).

Stress Memory and Repeated Drought Episodes

Stress memory describes an effect of previous exposure on a later response after an intervening period. During repeated dehydration, *Arabidopsis* can show enhanced transcription of a subset of previously induced genes. These responses demonstrate that gene regulation during a subsequent episode can depend on stress history. However, memory is not necessarily expressed by every responsive gene, and faster or stronger transcription does not

automatically confer improved biomass or reproductive performance (Ding, Fromm, & Avramova, 2012).

Chromatin modifications can contribute to persistent or altered responsiveness. Histone modifications, DNA methylation, and chromatin organization provide plausible mechanisms, but an associated epigenetic mark does not by itself establish a causal memory. Physiological carryover, residual hormones, proteins, or metabolites may also influence a later response. Demonstrating epigenetic memory requires evidence linking a persistent molecular state to altered behavior, with appropriate attention to cell division, resetting, and the timescale over which the effect persists (Lämke & Bäurle, 2017).

In maize exposed to prolonged mild drought before the flowering transition, combined transcriptome and histone-modification analysis identified transcriptional memory, epigenetic memory candidates, and delayed responses during recovery. Stress also affected floral patterning. This crop-based evidence connects drought history with developmental regulation and highlights why recovery experiments should include developmental outcomes. Nevertheless, identifying memory candidates does not establish that every persistent chromatin change improves resistance during another drought (Forestan, et al., 2020).

Resetting is equally important. Maintaining protective expression indefinitely can impose costs when water becomes plentiful. RNA turnover and molecular resetting allow plants to relinquish responses that are no longer advantageous. The useful balance between memory and resetting depends on the probability, timing, and severity of another stress episode. An experiment testing memory should therefore include previously stressed and previously unstressed plants exposed to the same second challenge, together with recovered and continuously watered groups (Crisp, Ganguly, Eichten, Borevitz, & Pogson, 2016; Lämke & Bäurle, 2017).

Repeated drought also creates a methodological difficulty: smaller plants may deplete water more slowly during the next cycle. Better hydration can then reflect reduced demand rather than altered cellular tolerance. Comparisons should document soil and tissue water status through every cycle and consider plant size. Equivalent numbers of days without watering are not necessarily equivalent stress treatments. A credible memory interpretation separates differences in stress exposure from differences in the response to comparable exposure (Ding, Fromm, & Avramova, 2012).

Growth, Development, and Product Quality After Drought

Leaf growth is highly sensitive to limited water. Drought can restrict cell division, cell expansion, or their duration, leaving smaller organs even after hydration is restored. The ability to resume elongation depends on whether the relevant growth zone remains active. Previously inhibited tissues and newly initiated leaves can therefore show different recovery trajectories. Measuring whole-plant height or final biomass alone may obscure these developmental mechanisms; repeated organ measurements provide information on the timing and source of renewed growth (Claeys & Inzé, 2013).

Genotype-specific recovery is illustrated by comparisons of Mexican maize landraces. Physiological measurements and expression profiling during drought and recovery irrigation revealed distinct responses among tolerant and susceptible genotypes, including changes associated with photosynthesis and carbohydrate and proline metabolism. Such studies demonstrate the value of pairing functional measurements with molecular data. They also caution against selecting one biochemical marker as a universal explanation of recovery across genetically different plants (Hayano-Kanashiro, Calderón-Vázquez, Ibarra-Laclette, Herrera-Estrella, & Simpson, 2009).

Developmental timing determines the opportunity for compensation. Early growth inhibition may be partly offset when water returns, and sufficient time remains for new organs to develop. Damage occurring close to flowering or during reproductive development can have different consequences because some developmental opportunities cannot simply be repeated. Crop improvement must therefore evaluate recovery in the drought scenarios relevant to the production environment. Strong recovery in a vegetative seedling assay is insufficient evidence for improved field yield (Forestan, et al., 2020; Tardieu, Simonneau, & Muller, 2018).

For medicinal and aromatic crops, recovery has both quantitative and compositional endpoints. Harvestable biomass, essential-oil yield, oil composition, phenolic concentration, and antioxidant traits should be assessed separately. Product concentration can change through synthesis, degradation, altered tissue composition, or dilution during regrowth. Recovery of biomass does not establish recovery of chemical quality, and maintained metabolite concentration does not establish maintained yield per plant. An appropriate experiment follows these traits through stress relief to the intended harvest stage (Tan & Gören, 2024).

Root, Soil, and Microbial Contributions

Restored bulk soil moisture does not guarantee immediate restoration of the root–soil hydraulic interface. After drying, water distribution can remain heterogeneous, and the rhizosphere may rewet differently from the surrounding substrate. Root condition and local conductivity consequently affect how quickly irrigation becomes available to the plant. This perspective explains why experiments should characterize the rewatering event rather than

assuming that adding a fixed volume produces equivalent water availability in every pot (Carminati, et al., 2020).

Drought also reorganizes soil microbial communities. Experimental evidence showed that bacterial co-occurrence networks were less stable under drought than fungal networks, with potential consequences for later plant–soil interactions. Network patterns do not establish the function of every microbial group, but they demonstrate that the belowground environment carries its own disturbance history. Plant recovery can therefore occur in a soil community that differs from the one present before stress (de Vries, et al., 2018).

Rewetting creates a context in which resource acquisition and defense may change together. Recovery-induced immunity in leaves provides direct evidence of an active protective response, while soil microbial changes suggest additional belowground interactions. A useful research direction is to connect these processes experimentally: for example, by testing recovery in defined microbial communities while monitoring plant hydration, nutrient status, and pathogen susceptibility. Such work could establish whether microbial history promotes or constrains recovery rather than assuming that inoculation benefits persist automatically after drought (de Vries, et al., 2018; Illouz-Eliaz, et al., 2025).

Designing Experiments That Measure Recovery

Recovery experiments require a clearly defined stress and a clearly defined release. Report substrate characteristics, rooting volume, plant age, environmental conditions, watering procedures, and the progression of soil and plant water status. Drying rate should be monitored because it determines acclimation opportunities. Rewatering should restore an explicit moisture target while permitting drainage; otherwise, drought relief may be confounded with excessive water and poor aeration. These design choices

establish what biological treatment is actually being compared (Carminati & Javaux, 2020).

Sampling should resolve the processes under investigation. Measurements immediately before rewatering define the stress endpoint. Early sampling during the first minutes or hours can capture rapid signaling and rehydration, whereas measurements over subsequent days follow gas exchange and metabolic adjustment. Longer follow-up is necessary for tissue replacement and growth. A practical schedule might include the stress endpoint, one early time point, 24 and 48 hours, and later growth observations; this is a planning framework, not a universal biological timetable (Illouz-Eliaz, et al., 2025; Rehschuh, et al., 2020).

Controls should be sampled at the same clock time and developmental context. Repeated measurements can follow non-destructive traits on the same plant, while destructive assays require independently allocated biological samples. A pot containing several plants is not automatically several independent replicates. In repeated-cycle experiments, treatment history and recovery duration must be retained in the design. Monitoring accumulated stress exposure is especially useful when treatments differ in drying duration but reach similar endpoint water potentials (Hayano-Kanashiro, Calderón-Vázquez, Ibarra-Laclette, Herrera-Estrella, & Simpson, 2009; Knüver, et al., 2025).

Table 2 outlines complementary measurements. Water status establishes whether stress relief has occurred; gas exchange tests current carbon uptake; fluorescence and damage assays evaluate selected aspects of tissue function; molecular measurements investigate regulation; and growth or yield determines performance. The most informative combination depends on the proposed limiting mechanism, rather than on collecting the largest possible number of assays.

Table 2 Complementary measurements for evaluating drought recovery

Process	Useful measurements	Interpretive value
Water balance	Soil moisture; leaf water potential; relative water content	Confirms exposure and rehydration
Carbon uptake	Net assimilation; stomatal conductance; mesophyll conductance when feasible	Separates recovery of uptake and diffusion
Photochemical function	Dark-adapted Fv/Fm; operating PSII yield; non-photochemical quenching	Assesses selected photosystem responses
Damage and redox balance	Electrolyte leakage; lipid peroxidation; antioxidant activities; reduced and oxidized pools	Distinguishes damage from protective responses
Growth and output	Leaf elongation; leaf area; root growth; dry mass; harvest yield	Links functional recovery to production
Molecular regulation	RNA profiles; protein abundance; enzyme activity; metabolite levels	Tests coordinated regulatory and metabolic change

Source: Author synthesis based on (Chaves, Flexas, & Pinheiro, 2009; Foyer & Noctor, 2011; Lyon, et al., 2016; Noctor, Mhamdi, & Foyer, 2014; Verslues, et al., 2006).

Recovery can be expressed as the value in previously stressed plants divided by that in time-matched watered controls, with the ratio multiplied by 100 when a percentage is useful. This normalization suits traits such as assimilation or growth that generally decrease under drought. For damage markers that increase, a decline toward the control is the relevant direction. Recovery rate, time to a predefined performance range, and the integrated deficit across recovery describe different properties and should not be treated as interchangeable. These are analytical choices that require explicit definitions.

Statistical analysis should match the sampling structure. Models for repeatedly measured plants should account for within-

plant dependence, and destructive time courses should reflect independent sampling. Treatment-by-time contrasts can identify differing recovery trajectories. Failure to detect a significant difference from the control does not prove equivalence; a prespecified equivalence margin and adequate precision provide a stronger basis for claiming restoration. Report effect sizes and uncertainty together with endpoint ratios. Molecular enrichment is best interpreted alongside physiology and followed by targeted validation when a causal pathway is proposed.

Implications for Breeding and Crop Management

Recovery traits can complement conventional drought screening. Useful targets include retention of viable growth zones, coordinated restoration of water transport and assimilation, and the ability to resume growth without excessive residual protection costs. Selection should measure performance during stress, after rewatering, and under favorable conditions. A genotype that survives severe drought through strong growth restriction may have limited value where moderate drought and short recovery intervals dominate. The intended environment determines which balance of protection and renewed production is advantageous (Skirycz, et al., 2011).

Management should likewise consider the transition after drought. Irrigation scheduling can be informed by plant function as well as soil moisture, particularly when hydraulic recovery is delayed. Fertilizer or biostimulant interventions should be evaluated against untreated recovery controls and judged by sustained growth or product output, not only short-term antioxidant changes. Evidence from organ-specific recovery and protein-turnover studies suggests that resource supply and physiological coordination deserve attention, but it does not justify a universal recovery treatment (Li, et al., 2025; Lyon, et al., 2016).

Future research should connect the scales at which recovery is measured. Cell-specific regulation needs linkage to organ function; organ recovery needs linkage to canopy performance; and improved short-term physiology needs linkage to harvest outcomes. Experiments combining realistic drought trajectories, repeated episodes, and environmental interactions can identify which recovery traits remain useful outside controlled settings. Recovery capacity should be treated as a measurable component of resilience with costs, limits, and scenario-dependent benefits (Wang & Xu, 2026).

Conclusions

Plant recovery from drought is an active and uneven process. Water resupply can restore hydration before carbon assimilation, hydraulic transport, or growth has returned to the expected trajectory. The outcome depends on accumulated injury, surviving tissues, metabolic resources, gene regulation, and the conditions encountered after rewatering. Recovery-specific transcription, immune activation, and stress memory expand the biological picture beyond simple reversal of dehydration responses. Evaluating drought resilience therefore requires measurements across both stress and recovery, with time-matched controls and clear separation of survival, functional restoration, and production. Integrating these endpoints will improve the interpretation of drought experiments and the identification of traits that sustain plant performance under intermittent water limitation.

References

Anderegg, W., Schwalm, C., Biondi, F., Camarero, J., Koch, G., Litvak, M., . . . Pacala, S. (2015). Pervasive drought legacies in forest ecosystems and their implications for carbon cycle models. *Science, 349*(6247), 528–532. Retrieved from https://doi.org/10.1126/science.aab1833

Brodribb, T., & Cochard, H. (2009). Hydraulic failure defines the recovery and point of death in water-stressed conifers. *Plant Physiology, 149*(1), 575–584. Retrieved from https://doi.org/10.1104/pp.108.129783

Carminati, A., & Javaux, M. (2020). Soil rather than xylem vulnerability controls stomatal response to drought. *Trends in Plant Science, 25*(9), 868–880. Retrieved from https://doi.org/10.1016/j.tplants.2020.04.003

Carminati, A., Ahmed, M., Zarebanadkouki, M., Cai, G., Lovric, G., & Javaux, M. (2020). Stomatal closure prevents the drop in soil water potential around roots. *New Phytologist, 226*(6), 1541–1543. Retrieved from https://doi.org/10.1111/nph.16451

Chaves, M., Flexas, J., & Pinheiro, C. (2009). Photosynthesis under drought and salt stress: Regulation mechanisms from whole plant to cell. *Annals of Botany, 103*(4), 551–560. Retrieved from https://doi.org/10.1093/aob/mcn125

Choat, B., Brodribb, T., Brodersen, C., Duursma, R., López, R., & Medlyn, B. (2018). Triggers of tree mortality under drought. *Nature, 558*(7711), 531–539. Retrieved from https://doi.org/10.1038/s41586-018-0240-x

Claeys, H., & Inzé, D. (2013). The agony of choice: How plants balance growth and survival under water-limiting conditions. *Plant Physiology, 162*(4), 1768–1779. Retrieved from https://doi.org/10.1104/pp.113.220921

Crisp, P., Ganguly, D., Eichten, S., Borevitz, J., & Pogson, B. (2016). Reconsidering plant memory: Intersections between stress recovery, RNA turnover, and epigenetics. *Science Advances, 2*(2), e1501340. Retrieved from https://doi.org/10.1126/sciadv.1501340

Cutler, S., Rodriguez, P., Finkelstein, R., & Abrams, S. (2010). Abscisic acid: Emergence of a core signaling network. *Annual Review of Plant Biology, 61*, 651–679. Retrieved from https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042809-112122

de Vries, F., Griffiths, R., Bailey, M., Craig, H., Girlanda, M., Gweon, H., . . . Bardgett, R. (2018). Soil bacterial networks are less stable under drought than fungal networks. *Nature Communications, 9*, 3033. Retrieved from https://doi.org/10.1038/s41467-018-05516-7

Ding, Y., Fromm, M., & Avramova, Z. (2012). Multiple exposures to drought 'train' transcriptional responses in Arabidopsis. *Nature Communications, 3*, 740. Retrieved from https://doi.org/10.1038/ncomms1732

Flexas, J., Bota, J., Galmés, J., Medrano, H., & Ribas-Carbó, M. (2006). Keeping a positive carbon balance under adverse conditions: Responses of photosynthesis and respiration to water stress. *Physiologia Plantarum, 127*(3), 343–352. Retrieved from https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.2006.00621.x

Forestan, C., Farinati, S., Zambelli, F., Pavesi, G., Rossi, V., & Varotto, S. (2020). Epigenetic signatures of stress adaptation and flowering regulation in response to extended drought and recovery in Zea mays. *Plant, Cell & Environment, 43*(1), 55–75. Retrieved from https://doi.org/10.1111/pce.13660

Foyer, C., & Noctor, G. (2011). Ascorbate and glutathione: The heart of the redox hub. *Plant Physiology, 155*(1), 2–18. Retrieved from https://doi.org/10.1104/pp.110.167569

Galmés, J., Medrano, H., & Flexas, J. (2007). Photosynthetic limitations in response to water stress and recovery in Mediterranean plants with different growth forms. *New Phytologist, 175*(1), 81–93. Retrieved from https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2007.02087.x

Gupta, A., Rico-Medina, A., & Caño-Delgado, A. (2020). The physiology of plant responses to drought. *Science, 368*(6488), 266–269. Retrieved from https://doi.org/10.1126/science.aaz7614

Hayano-Kanashiro, C., Calderón-Vázquez, C., Ibarra-Laclette, E., Herrera-Estrella, L., & Simpson, J. (2009). Analysis of gene expression and physiological responses in three Mexican maize landraces under drought stress and recovery irrigation. *PLOS ONE, 4*(10), e7531. Retrieved from https://doi.org/10.1371/journal.pone.0007531

Illouz-Eliaz, N., Yu, J., Swift, J., Lande, K., Jow, B., Partida-Garcia, L., . . . Ecker, J. (2025). Drought recovery in plants triggers a cell-state-specific immune activation. *Nature Communications, 16*, 8095. Retrieved from https://doi.org/10.1038/s41467-025-63467-2

Knüver, T., Bär, A., Hamann, E., Zuber, M., Mayr, S., Beikircher, B., & Ruehr, N. (2025). Stress dose explains drought recovery in Norway spruce. *Frontiers in Plant Science, 16*, 1542301. Retrieved from https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1542301

Lämke, J., & Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome Biology, 18*, 124. Retrieved from https://doi.org/10.1186/s13059-017-1263-6

Li, F.-P., Palta, J., Yao, G.-Q., Zeng, Y.-Y., Bi, M.-H., Tian, X.-Q., . . . Fang, X.-W. (2025). Roots go through rapid hydraulic recovery following moderate water stress. *Annals of Botany, 136*(5–6), 1355–1365. Retrieved from https://doi.org/10.1093/aob/mcaf060

Lyon, D., Castillejo, M., Mehmeti-Tershani, V., Staudinger, C., Kleemaier, C., & Wienkoop, S. (2016). Drought and recovery: Independently regulated processes highlighting the importance of protein turnover dynamics and translational regulation in Medicago truncatula. *Molecular & Cellular Proteomics, 15*(6), 1921–1937. Retrieved from https://doi.org/10.1074/mcp.M115.049205

Noctor, G., Mhamdi, A., & Foyer, C. (2014). The roles of reactive oxygen metabolism in drought: Not so cut and dried. *Plant Physiology, 164*(4), 1636–1648. Retrieved from https://doi.org/10.1104/pp.113.233478

Noctor, G., Mhamdi, A., Chaouch, S., Han, Y., Neukermans, J., Marquez-Garcia, B., . . . Foyer, C. (2012). Glutathione in plants: An integrated overview. *Plant, Cell & Environment, 35*(2), 454–484. Retrieved from https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2011.02400.x

Oono, Y., Seki, M., Nanjo, T., Narusaka, M., Fujita, M., Satoh, R., . . . Shinozaki, K. (2003). Monitoring expression profiles of Arabidopsis gene expression during rehydration process after dehydration using ca. 7000 full-length cDNA microarray. *The Plant Journal, 34*(6), 868–887. Retrieved from https://doi.org/10.1046/j.1365-313X.2003.01774.x

Rehschuh, R., Cecilia, A., Zuber, M., Faragó, T., Baumbach, T., Hartmann, H., . . . Ruehr, N. (2020). Drought-induced xylem embolism limits the recovery of leaf gas exchange in Scots pine. *Plant Physiology, 184*(2), 852–864. Retrieved from https://doi.org/10.1104/pp.20.00407

Ruehr, N., Grote, R., Mayr, S., & Arneth, A. (2019). Beyond the extreme: Recovery of carbon and water relations in woody plants following heat and drought stress. *Tree Physiology, 39*(8), 1285–1299. Retrieved from https://doi.org/10.1093/treephys/tpz032

Sharma, S., & Verslues, P. (2010). Mechanisms independent of abscisic acid (ABA) or proline feedback have a predominant role in transcriptional regulation of proline metabolism during low water potential and stress recovery. *Plant, Cell & Environment, 33*(11), 1838–1851. Retrieved from https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2010.02188.x

Skirycz, A., Vandenbroucke, K., Clauw, P., Maleux, K., De Meyer, B., Dhondt, S., . . . Inzé, D. (2011). Survival and growth of Arabidopsis plants given limited water are not equal. *Nature Biotechnology, 29*(3), 212–214. Retrieved from https://doi.org/10.1038/nbt.1800

Szabados, L., & Savouré, A. (2010). Proline: A multifunctional amino acid. *Trends in Plant Science, 15*(2), 89–97. Retrieved from https://doi.org/10.1016/j.tplants.2009.11.009

Tan, U., & Gören, H. (2024). Comprehensive evaluation of drought stress on medicinal plants: A meta-analysis. *PeerJ, 12*, e17801. Retrieved from https://doi.org/10.7717/peerj.17801

Tardieu, F., Simonneau, T., & Muller, B. (2018). The physiological basis of drought tolerance in crop plants: A scenario-dependent probabilistic approach. *Annual Review of Plant Biology, 69*, 733–759. Retrieved from https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042817-040218

Verslues, P., Agarwal, M., Katiyar-Agarwal, S., Zhu, J., & Zhu, J.-K. (2006). Methods and concepts in quantifying resistance to drought, salt and freezing, abiotic stresses that affect plant water status. *The Plant Journal, 45*(4), 523–539. Retrieved from https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2005.02593.x

Wang, J., & Xu, Z. (2026). Plant response to and recovery from drought. *Current Biology, 36*(8), R343–R362. Retrieved from https://doi.org/10.1016/j.cub.2026.02.025

Yoshida, T., Mogami, J., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2014). ABA-dependent and ABA-independent signaling in response to osmotic stress in plants. *Current Opinion in Plant Biology, 21*, 133–139. Retrieved from https://doi.org/10.1016/j.pbi.2014.07.009

CHAPTER 2

EFFECTS OF DROUGHT ON PHENYLPROPANOID METABOLISM IN PLANTS

UĞUR TAN[1]

Introduction

Drought changes plant metabolism through the combined effects of declining water availability, restricted carbon assimilation, altered growth, and stress signalling. These changes extend beyond osmolytes and antioxidant enzymes to phenylpropanoids, a chemically diverse group that connects primary metabolism with pigmentation, cell wall formation, environmental interactions, and protection against stress. Understanding this connection is particularly relevant to crops and medicinal plants, where successful acclimation must be evaluated together with biomass production and product quality. Phenylpropanoid responses are therefore part of the physiological adjustment to water deficit rather than an isolated increase in secondary metabolites (Chaves, Maroco, & Pereira, 2003; Dixon & Paiva, 1995).

The term phenylpropanoid metabolism encompasses interconnected pathways producing hydroxycinnamic acids,

[1] Associate Professor, Aydın Adnan Menderes University, Faculty of Agriculture, Department of Field Crops, Türkiye. ORCID: 0000-0002-9592-2790

flavonoids, monolignols, and numerous species-specific derivatives. Although these products share biosynthetic precursors, drought can redirect their production in different directions. Greater accumulation of one flavonoid does not necessarily imply greater lignification, and an increase in total phenolics does not reveal which pathway branch changed. The identity, location, and timing of individual compounds determine whether a response contributes to antioxidant protection, hydraulic function, growth regulation, or defense against other environmental challenges (Vogt, 2010; Yonekura-Sakakibara, Higashi, & Nakabayashi, 2019).

This chapter examines how drought modifies phenylpropanoid biosynthesis and how those modifications influence plant function. It first outlines the metabolic network and the physiological conditions that alter its operation, then evaluates soluble phenolics, flavonoids, lignin, and regulatory mechanisms using experimental examples. Particular attention is given to the distinction between metabolite accumulation and demonstrated drought tolerance. The central argument is that drought reorganizes phenylpropanoid metabolism selectively: beneficial outcomes depend on branch-specific regulation, tissue context, stress severity, and the costs of maintaining protective compounds. The chapter also considers measurement strategies, agricultural applications, and research priorities that can connect molecular findings with plant performance.

Organization of the phenylpropanoid network

The carbon skeletons supporting phenylpropanoid biosynthesis originate in primary metabolism. The shikimate pathway links phosphoenolpyruvate and erythrose 4-phosphate to chorismate, from which aromatic amino acids are produced. Phenylalanine supplies both protein synthesis and a wide range of specialized metabolites. Consequently, the capacity to produce

phenylpropanoids depends on precursor supply as well as downstream enzyme activity. Drought-related changes in sugars, amino acid demand, and growth can therefore influence the pathway before the first committed phenylpropanoid reaction occurs. This connection makes phenylalanine availability an important component of metabolic regulation, although its concentration alone cannot establish the rate of downstream synthesis (Maeda & Dudareva, 2012; Tohge, Watanabe, Hoefgen, & Fernie, 2013).

In the canonical entry sequence, phenylalanine ammonia-lyase (PAL) converts phenylalanine to trans-cinnamate, releasing ammonia. Cinnamate 4-hydroxylase (C4H) produces p-coumarate, and 4-coumarate CoA ligase (4CL) generates p-coumaroyl-CoA. This activated intermediate provides a major connection between the general pathway and downstream branches. PAL activity is frequently measured as an indicator of pathway engagement, but PAL is neither the only regulatory point nor a complete measure of flux. Enzyme families, substrate preferences, and cellular organization create multiple opportunities for selective regulation after the entry steps (Ferrer, Austin, Stewart, & Noel, 2008; Fraser & Chapple, 2011).

Flavonoid synthesis begins when chalcone synthase (CHS) combines p-coumaroyl-CoA with three malonyl-CoA units. Chalcone isomerase (CHI) then supports flavanone formation, after which branch enzymes produce flavones, flavonols, anthocyanins, and proanthocyanidins. Hydroxylation, methylation, glycosylation, and acylation generate further chemical diversity. These modifications influence solubility, stability, transport, and biological activity. Thus, a drought-induced shift from one conjugate to another can be functionally important even when the total flavonoid pool changes little. The metabolic network should be viewed as a set of competing and coordinated routes, not a single linear sequence with

one final product (Ferrer, Austin, Stewart, & Noel, 2008; Yonekura-Sakakibara, Higashi, & Nakabayashi, 2019).

The monolignol branch uses hydroxylation, methylation, and reduction reactions to produce p-coumaryl, coniferyl, and sinapyl alcohols. Their oxidative incorporation into cell walls generates the principal H, G, and S lignin units, respectively. These reactions involve enzymes such as cinnamoyl-CoA reductase (CCR), cinnamyl alcohol dehydrogenase (CAD), laccases, and peroxidases. Lignin differs fundamentally from soluble flavonoids because it becomes part of a structural polymer. Drought responses therefore involve both flexible changes in soluble metabolites and more persistent modifications to cell wall architecture. Table 1 summarizes the principal metabolic branches relevant to water deficit (Boerjan, Ralph, & Baucher, 2003; Vanholme, Demedts, Morreel, Ralph, & Boerjan, 2010).

Table 1 Major phenylpropanoid branches relevant to drought responses

Branch	**Representative products**	**Functional context**
Phenolic acids	Caffeic and ferulic acids; chlorogenic acids	Soluble or wall-associated pools; responses depend on conjugation and location.
Flavonols and flavones	Quercetin, kaempferol, luteolin and their conjugates	Chemical protection, screening and local signaling; individual compounds differ.
Anthocyanins and related products	Anthocyanin glycosides; condensed tannins	Pigmentation and potential oxidative protection; effects require physiological testing.
Monolignols and lignin	p-Coumaryl, coniferyl and sinapyl alcohols	Cell wall polymer formation; consequences depend on vascular anatomy.
Rosmarinic acid branch	Rosmarinic acid and related medicinal phenolics	Integration of phenylalanine and tyrosine precursor routes in relevant species.

Source: Author synthesis based on (Boerjan, Ralph, & Baucher, 2003; Petersen & Simmonds, 2003; Vogt, 2010; Yonekura-Sakakibara, Higashi, & Nakabayashi, 2019).

Physiological drivers of metabolic reprogramming

As soil water availability declines, stomatal closure restricts carbon dioxide entry into leaves. With greater stress, mesophyll limitations and biochemical constraints can also reduce photosynthesis. Light absorption may consequently exceed the capacity to use energy in carbon assimilation, increasing pressure on photochemical and redox systems. Phenylpropanoid metabolism operates within this altered physiological environment. It can contribute to protection, but its activity also depends on the carbon and energy supplied by the same processes that drought disrupts. This dual dependence helps explain why mild and severe water deficits need not produce the same metabolic outcome (Chaves, Flexas, & Pinheiro, 2009).

One proposed explanation for enhanced secondary metabolite accumulation is that reduced carbon fixation creates a relative excess of reducing power, encouraging its use in alternative biosynthetic processes. Selmar and Kleinwächter developed this interpretation for stress-associated natural product accumulation. It provides a useful metabolic framework, but it should not be treated as an automatic prediction that every phenolic compound will increase. Sustained synthesis still requires accessible carbon skeletons, functioning enzymes, appropriate compartmentation, and product storage. Under prolonged damage, substrate limitation and declining cellular function may outweigh the initial stimulus to specialized metabolism (Selmar & Kleinwächter, 2013).

Water deficit also modifies the balance between production and growth. If leaf expansion slows more strongly than metabolite formation, the concentration of a compound can increase without a corresponding increase in its total amount per plant. Tissue

dehydration creates a further complication when results are expressed per unit fresh mass. Therefore, physiological restriction, altered carbon allocation, active biosynthetic induction, and concentration effects can coexist. Their relative importance must be resolved experimentally. Explanations based on increased synthesis should be supported by measurements that distinguish concentration from total accumulation and, where possible, metabolic flux (Kleinwächter & Selmar, 2015; Tan & Gören, 2024).

Changes in soluble phenolic acids

Hydroxycinnamic acids and their conjugates represent important soluble outputs of phenylpropanoid metabolism. Caffeic, ferulic, and related acids may occur in free, esterified, or other conjugated forms, while chlorogenic acids combine hydroxycinnamate and quinic acid moieties. These compounds should not be interpreted as a uniform pool. Their chemical structures, accessibility, and cellular locations differ, and drought may alter conjugation or redistribution without increasing all component metabolites. An analysis limited to total phenolics can conceal these distinctions and can miss a shift from soluble compounds toward cell wall-associated products (Fraser & Chapple, 2011; Vogt, 2010).

Common bean provides a clear example of selective adjustment. Peña Barrena and colleagues compared two white bean recombinant inbred lines under severe drought and well-watered conditions. Drought altered particular leaf hydroxycinnamate conjugates, with some responses being transient and others sustained. Root phaseollin and phaseollinisoflavan increased, and coumestrol showed a sustained accumulation in one line. Most leaf flavonol glycosides did not change. These results demonstrate that even substantial growth restriction can be accompanied by fine adjustments in particular metabolites rather than broad activation of

every phenylpropanoid branch (Peña Barrena, Mats, Earl, & Bozzo, 2024).

The functional interpretation follows from this specificity. A transient increase may reflect an early response that cannot be inferred from a final harvest, while sustained accumulation may indicate continuing production, reduced turnover, or altered storage. Distinct root and leaf responses also show why a single organ cannot represent the whole plant. As an analytical strategy, following a small set of chemically identified metabolites across several sampling times can be more informative than measuring only an endpoint total. Comparisons should ask which compounds changed, where they changed, and whether those changes preceded or followed physiological deterioration.

Flavonoids and oxidative protection

Many flavonoids can participate in antioxidant reactions because their structures support electron or hydrogen donation and stabilization of the resulting radical. Hydroxylation patterns are particularly important: compounds with similar names or belonging to the same class may differ substantially in reactivity. Biological relevance also requires suitable localization and concentrations. Epidermal screening, vacuolar accumulation, and antioxidant activity near vulnerable cellular structures represent different protective possibilities. Accordingly, extract-based antioxidant capacity and protection inside living tissues should be evaluated as related but distinct observations (Agati, Azzarello, Pollastri, & Tattini, 2012; Hernández, Alegre, Van Breusegem, & Munné-Bosch, 2009).

Direct genetic evidence is available from *Arabidopsis*. Nakabayashi and colleagues combined metabolite and transcript analyses with MYB12 and PAP1 overexpression lines, a flavonoid-deficient tt4 mutant, and crosses that removed flavonoid synthesis

from the overexpression backgrounds. Their findings linked flavonoid overaccumulation, especially anthocyanin-associated antioxidant activity, with improved resistance to oxidative and drought stress. The importance of this design is that it helped distinguish the effects of accumulated flavonoids from the other consequences of manipulating transcription factors. It provides stronger evidence of metabolic contribution than a simple correlation between total flavonoids and survival (Nakabayashi, et al., 2014).

However, reactive oxygen species (ROS) are also required for signalling and normal cellular function. An effective stress response regulates their amount and distribution rather than eliminating them indiscriminately. Phenolic antioxidants must therefore be considered alongside ascorbate, glutathione, antioxidant enzymes, and photoprotective mechanisms. An increase in phenolics accompanied by high lipid peroxidation can indicate that defense is induced but remains insufficient. The same chemical measurement can consequently represent successful acclimation in one genotype and an unsuccessful response to injury in another (Hernández, Alegre, Van Breusegem, & Munné-Bosch, 2009; Mittler, 2017).

Guard cell signaling and the water–carbon balance

Flavonoids can influence drought responses through signaling as well as chemical protection. In *Arabidopsis* guard cells, ethylene-induced flavonol accumulation was associated with lower ROS and altered stomatal behavior. This finding established that local flavonol pools can influence the signaling environment controlling stomatal aperture. It also shows why measurements of whole-leaf flavonoids may not explain guard cell responses: a small, localized pool can have a physiological role that is obscured by the much larger pools elsewhere in the leaf (Watkins, Hechler, & Muday, 2014).

Experiments with tomato mutants further showed that flavonols modulate the ABA-induced ROS burst and stomatal closure. Higher flavonol abundance dampened ROS-dependent closure, whereas reduced flavonols enhanced the response. These results challenge the assumption that increasing antioxidant metabolites always strengthens water conservation. A metabolite that reduces oxidative stress can also modify a signal needed for stomatal closure. Its net effect therefore depends on whether maintaining carbon assimilation or restricting water loss is more important under the prevailing conditions (Watkins, Chapman, & Muday, 2017).

For drought research, this relationship suggests that flavonoid profiles should be interpreted together with stomatal conductance, assimilation, and plant water status. A genotype maintaining relatively open stomata may perform well during moderate stress if water access remains sufficient, yet the same behavior could accelerate dehydration during severe stress. This is a physiological interpretation of the guard cell evidence, not a universal outcome demonstrated for all flavonoid-rich plants. It illustrates why tolerance must be assessed under a defined water regime and why favorable biochemical traits should be linked to whole-plant performance.

Lignin and hydraulic adjustment

Lignin contributes to the mechanical and hydraulic properties of vascular tissues, but its effect depends on the cells in which it is deposited and the structure of the surrounding wall. The amount and composition of lignin are therefore more informative when combined with anatomical observations. An increase in bulk lignin cannot, on its own, establish improved hydraulic conductivity or resistance to embolism. Conversely, a decline does not automatically imply hydraulic failure. Structural function emerges from the

organization of xylem vessels and supporting tissues, together with the chemical properties of their walls (Boerjan, Ralph, & Baucher, 2003; Vanholme, Demedts, Morreel, Ralph, & Boerjan, 2010).

In apple, Geng and colleagues demonstrated that MdMYB88 and MdMYB124 participate in drought tolerance through root vessel and cell wall regulation. Overexpression and RNA interference lines differed in root hydraulic properties, vessel development, and cellulose and lignin accumulation. The regulators directly targeted MdVND6 and MdMYB46, connecting transcriptional control with vascular development. These results concern a coordinated developmental program. They support a role for phenylpropanoid-associated wall adjustment in drought responses but do not isolate lignin quantity as the sole cause of improved water transport (Geng, et al., 2018).

Structural investment can also impose costs. Reinforcing tissues may protect hydraulic function while limiting their capacity for expansion, and carbon committed to lignified walls is not immediately available for other uses. Whether this tradeoff is favorable depends on tissue age, organ function, and stress duration. A useful working hypothesis is that localized changes in vascular tissues may produce different outcomes from generalized lignification across growing organs. Testing this hypothesis requires separating anatomical regions rather than treating the plant as a single homogeneous lignin pool.

Transcriptional regulation and hormone interactions

Transcription factors can coordinate precursor formation and several downstream branches simultaneously. In apple, MdMYB88 and MdMYB124 also regulate phenylalanine supply through the chorismate mutase gene MdCM2. Promoter binding experiments, metabolite profiling, and transgenic comparisons linked this regulation with altered phenylpropanoid accumulation and oxidative

injury under drought. This mechanism extends control upstream of PAL and demonstrates that precursor biosynthesis is an integral part of the drought-responsive network. It also explains why selecting only the most familiar pathway genes may overlook important regulatory steps (Geng, et al., 2020).

A contrasting example comes from wheat TaMyb1D expressed in tobacco. Its overexpression repressed phenylpropanoid-related genes and reduced stem lignin and leaf flavonoids, yet improved drought and oxidative stress tolerance together with other protective responses. This finding does not invalidate the benefits observed for flavonoid accumulation in *Arabidopsis*. Instead, it shows that the outcome of transcription factor manipulation depends on the complete set of targets and physiological changes. Increased tolerance may arise through another protective route even when selected phenylpropanoid pools decline (Wei, et al., 2017).

Brassinosteroid signaling offers another example of branch-specific regulation. Fontanet-Manzaneque and colleagues identified sorghum SbBRI1 mutants with enhanced drought resilience and investigated downstream SbBES1 regulation using DNA-affinity purification sequencing, transcriptomics, and metabolomics. The mutants showed changes in lignin-associated genes and precursors together with selective flavonoid alterations. The authors proposed that regulation of these branches contributed to photosynthetic protection. This supports a model of metabolic redistribution, while the proposed contribution of metabolites should be distinguished from the experimentally established receptor and transcriptional phenotypes (Fontanet-Manzaneque, et al., 2024).

These examples suggest a practical principle for genetic improvement: the target should be coordinated metabolic performance rather than maximum expression of a single-entry enzyme. Promoter specificity, induction timing, precursor availability, and interactions with growth signaling may all change

the outcome. A drought-responsive regulator that performs well in one organ or species should be tested in the intended crop and developmental stage. Broad regulatory manipulations are especially useful for identifying mechanisms, but their agricultural value requires assessment of the accompanying effects on growth and reproductive performance.

Medicinal plants and rosmarinic acid metabolism

Rosmarinic acid is particularly relevant to medicinal and aromatic plants because its biosynthesis combines phenylalanine-derived and tyrosine-derived components. The phenylalanine branch supplies a hydroxycinnamoyl donor, while the tyrosine branch produces a hydroxyphenyllactic acid derivative. Rosmarinic acid synthase and subsequent hydroxylation steps support formation of the final ester. Thus, measuring PAL alone is insufficient to explain rosmarinic acid accumulation. Coordination between the two precursor routes and the downstream enzymes must also be considered. This biochemical architecture offers a useful example of how phenylpropanoid products depend on integration with other metabolic pathways (Petersen & Simmonds, 2003).

Studies in sage and savory demonstrate the value of compound-specific analysis. Bettaieb and colleagues investigated water deficit effects on individual and total polyphenols and antioxidant activity in *Salvia officinalis*. Shariat and colleagues examined metabolites and molecular responses during water withdrawal in *Satureja rechingeri*, including changes in rosmarinic acid. These studies provide evidence that water deficit can modify valuable phenolics in Lamiaceae, but the response of a particular species, sampling time, or metabolite should not be extended automatically to another. Similar taxonomic backgrounds do not ensure identical regulation or stress thresholds (Bettaieb, Hamrouni-

Sellami, Bourgou, Limam, & Marzouk, 2011; Shariat, Karimzadeh, Assareh, & Hadian, 2018).

Recent genetic work in *Salvia miltiorrhiza* provides a more direct regulatory connection. Lv and colleagues showed that SmDof32 overexpression increased salvianolic acid accumulation and drought tolerance, while RNA interference produced the opposite pattern. Their analyses identified SmLOX8 and SmRAS1 as direct targets, linking jasmonic acid biosynthesis with the production of these medicinal phenolics. Manipulation of SmLOX8 and inhibition of jasmonate biosynthesis strengthened the proposed regulatory mechanism. The study demonstrates how hormone metabolism and specialized biosynthesis can be coordinated rather than merely changing in parallel during stress (Lv, et al., 2025).

For commercial production, increased phenolic concentration must be considered together with harvestable biomass. The drought meta-analysis by Tan and Gören documented substantial physiological and yield responses across medicinal plants, reinforcing the need to evaluate stress intensity and multiple performance variables. A plant can contain more milligrams of a target compound per gram of tissue while producing less of that compound per plant or unit land area. In addition, changes in terpene-rich essential oils should not be used as direct evidence of phenylpropanoid induction; the biosynthetic origins of the product classes differ (Kleinwächter & Selmar, 2015; Tan & Gören, 2024).

Species, tissue, and temporal differences

Integrated analysis in mulberry illustrates both the power and the boundaries of molecular profiling. Chen and colleagues reported flavonoid accumulation and increased expression of phenylpropanoid-associated genes under PEG-6000 treatment. Enzyme characterization further supported the roles of selected proteins in flavonol formation and glycosylation. These findings

strengthen biochemical interpretation, but PEG-induced osmotic stress should be identified explicitly when discussing their relevance to drought. Osmotic treatment in a controlled system does not reproduce every feature of progressive soil drying, including root access to heterogeneous moisture and the changing physical properties of the substrate (Chen, et al., 2024).

Table 2 Experimental evidence linking drought and phenylpropanoid metabolism

System and study	**Evidence**	**Main finding and scope**
Arabidopsis (Nakabayashi, et al., 2014)	Overexpression, deficient mutants and genetic crosses	Flavonoid accumulation contributed to stress tolerance; strong genetic evidence.
Apple (Geng, et al., 2018; Geng, et al., 2020)	Transgenic plants, promoter binding and physiological measurements	Regulation linked precursor supply and vascular development with drought responses.
Tobacco with wheat TaMyb1D (Wei, et al., 2017)	Heterologous overexpression	Tolerance improved despite lower lignin and flavonoids; multiple protective routes.
Sorghum (Fontanet-Manzaneque, et al., 2024)	SbBRI1 mutants and integrated molecular analyses	Branch-specific metabolic changes accompanied drought resilience.
Common bean (Peña Barrena, Mats, Earl, & Bozzo, 2024)	Metabolite time courses in two inbred lines	Selective root and leaf responses; most leaf flavonol glycosides were unchanged.
Salvia miltiorrhiza (Lv, et al., 2025)	Overexpression, RNA interference and jasmonate inhibition	SmDof32 linked medicinal phenolic production with drought tolerance.

Results from common bean, apple, *Arabidopsis*, and sorghum collectively indicate that neither one metabolite nor one transcriptional signature defines a general drought response. The comparisons summarized in Table 2 differ in genetic design and level of evidence.

Metabolite time courses reveal selectivity, promoter binding identifies regulatory connections, and mutant or transgenic combinations can test causal contributions. These approaches answer complementary questions. A reliable synthesis should preserve these distinctions rather than treating every increase in a stress-associated metabolite as proof that it caused tolerance.

Time is another important source of variation. Rapid signaling may occur before an accumulated metabolite becomes detectable, while stored conjugates or structural polymers can persist after transcription declines. A late sample may therefore underestimate early pathway activation or overestimate current biosynthetic activity. Organ development also changes the background against which stress responses are measured. Sampling leaves of comparable age, distinguishing newly formed from pre-existing tissues, and using appropriate time-matched controls are practical ways to reduce these ambiguities. Such designs are particularly important when drought slows development and causes treated and control plants to diverge in size.

Measuring pathway responses accurately

A useful measurement strategy begins with a clear definition of the water treatment. Days without irrigation do not necessarily impose the same stress on plants with different sizes, transpiration rates, or rooting patterns. Soil water content and plant water status should therefore accompany treatment duration. Leaf water potential or relative water content can help distinguish exposure from the response of the plant. Physiological measurements then establish whether the metabolite profile was recorded during acclimation, severe injury, or recovery. This context is needed before associations between phenolics and drought performance can be interpreted (Chaves, Maroco, & Pereira, 2003; Tan & Gören, 2024).

Total phenolic assays are useful for screening but do not identify individual phenylpropanoids. The Folin-Ciocalteu reagent reacts with multiple reducing substances, as shown experimentally by Everette and colleagues. Changes in assay values may therefore involve nonphenolic components as well as genuine shifts in phenolics. Similarly, chemical antioxidant assays describe activity in an extract under specified reaction conditions; they do not locate the active compounds inside the plant. Screening results become more informative when followed by chromatography and when oxidative damage and physiological performance are measured independently (Agati, Azzarello, Pollastri, & Tattini, 2012; Everette, et al., 2010).

Chromatographic and mass spectrometric methods can separate these chemical responses, but metabolite annotation must be reported at an appropriate confidence level. Accurate mass or a database match does not always distinguish isomers. Authentic standards, retention behavior, and fragmentation evidence improve identification, while internal standards, calibration, and quality control strengthen quantification. Alseekh and colleagues provide guidance on these issues for mass spectrometry-based metabolomics. Applying such practices reduces the risk that a pathway interpretation rests on an incorrectly assigned compound or an analytical difference between batches (Alseekh, et al., 2021).

Expression data, enzyme activity, and metabolite concentrations should be interpreted together because they represent different levels of pathway operation. Increased transcript abundance can coexist with limited substrate availability, while an accumulated product may persist after its synthesis slows. Neither a heat map nor pathway enrichment establishes metabolic flux. A mechanistic study can strengthen its conclusions with enzyme characterization, promoter interaction assays, genetic perturbation, and, where feasible, isotope labeling. The appropriate combination depends on the question: identifying a responsive branch requires

less evidence than proving that its product causes improved drought tolerance.

Applications in breeding and irrigation management

Phenylpropanoid traits offer opportunities for crop improvement, particularly when genetic evidence connects a defined metabolic change with stress performance. Nevertheless, constitutively increasing all pathway products is unlikely to be an efficient objective. High production may affect pigmentation, development, resource allocation, or interactions with other organisms. A more focused strategy is to identify the branch, tissue, and stage at which the trait is advantageous, then evaluate it across realistic water regimes. The contrasting *Arabidopsis* and TaMyb1D results illustrate why the direction of a metabolite response must be interpreted within the complete phenotype (Nakabayashi, et al., 2014; Wei, et al., 2017).

For medicinal plants, regulated water deficit may offer a way to modify product composition, but the practical endpoint should be target-compound yield and consistent quality. An illustrative calculation makes the distinction clear: if concentration rises by 25% while harvestable biomass falls by 30%, the compound amount becomes 1.25 multiplied by 0.70, or 87.5% of the well-watered value. This hypothetical example represents a 12.5% decrease despite improved concentration. Economic evaluation should also include irrigation savings, crop survival, harvest timing, and extraction requirements rather than relying on concentration alone.

Genotype selection can therefore combine metabolite quality with growth and water-use traits. Trials should compare well-watered performance with performance under specified drought intensities and should include the return to adequate water supply when episodic drought is relevant. This avoids selecting a genotype that survives stress by remaining small but delivers little harvestable

product. For field translation, promising metabolic traits should be examined over multiple environments because light, temperature, and nutrient availability can alter both the stress experienced and the cost of the response.

Research priorities and post-drought trajectories

A major research need is to connect phenylpropanoid metabolism with the progression of drought and the subsequent return of growth. Rewatering provides an opportunity to separate compounds that track current stress from those that remain after hydration is restored. Persisting flavonoid conjugates, continuing lignin deposition, and renewed carbon allocation may have different implications for recovery. The suggestion that retained phenylpropanoids contribute to improved responses during a later drought should be treated as a testable hypothesis. Persistence alone does not establish stress memory, and a repeated-stress experiment needs appropriate unprimed controls.

Spatial resolution offers another useful direction. Separating guard cells, mesophyll, epidermis, vascular tissues, and root developmental zones could reveal responses hidden by bulk sampling. Pairing such measurements with anatomical and physiological data would help determine whether a particular pool contributes to signaling, chemical protection, or hydraulic adjustment. The guard cell studies demonstrate the value of local information, while apple regulatory studies show how tissue development can be connected with pathway control. Future work can build on these approaches to identify where metabolic changes matter most (Geng, et al., 2018; Watkins, Hechler, & Muday, 2014; Watkins, Chapman, & Muday, 2017).

An effective experimental sequence would combine a progressive soil-drying treatment, several stress severities, time-resolved sampling, rewatering, and a later challenge where relevant.

Metabolite identification and quantification should be paired with growth, water status, gas exchange, and injury measurements. A selected regulatory or enzyme target could then be tested genetically to determine whether the associated metabolic response contributes to performance. This sequence is a research framework proposed here: it moves from description through functional testing toward agricultural evaluation without requiring every exploratory study to contain all possible analytical techniques.

Conclusion

Drought affects phenylpropanoid metabolism by changing precursor supply, redox conditions, hormone signalling, transcriptional regulation, and the balance between growth and protective investment. The response is selective rather than uniformly stimulatory. Flavonoids can contribute to oxidative protection and modify guard cell signalling; lignin-associated pathways can participate in vascular adjustment; and medicinal phenolics can change in both composition and concentration. Their functional consequences depend on chemical identity, tissue localization, timing, and the severity of water deficit.

The strongest interpretation combines well-defined water treatments with compound-specific measurements and physiological or genetic evidence. Increased total phenolics alone cannot establish enhanced biosynthetic flux or improved drought tolerance, while reduced abundance of a particular branch does not exclude successful acclimation through another mechanism. For breeding and crop management, the objective is a favorable balance between protection, growth, recovery, and product yield. Phenylpropanoid metabolism offers substantial opportunities within that balance when its diversity and regulatory context are preserved in both experimental design and agricultural interpretation.

References

Agati, G., Azzarello, E., Pollastri, S., & Tattini, M. (2012). Flavonoids as antioxidants in plants: Location and functional significance. *Plant Science, 196*, 67-76. doi:10.1016/j.plantsci.2012.07.014

Alseekh, S., Aharoni, A., Brotman, Y., Contrepois, K., D'Auria, J., Ewald, J., . . . Fernie, A. (2021). Mass spectrometry-based metabolomics: A guide for annotation, quantification and best reporting practices. *Nature Methods, 18*(7), 747-756. doi:10.1038/s41592-021-01197-1

Bettaieb, I., Hamrouni-Sellami, I., Bourgou, S., Limam, F., & Marzouk, B. (2011). Drought effects on polyphenol composition and antioxidant activities in aerial parts of Salvia officinalis L. *Acta Physiologiae Plantarum, 33*(4), 1103-1111. doi:10.1007/s11738-010-0638-z

Boerjan, W., Ralph, J., & Baucher, M. (2003). Lignin biosynthesis. *Annual Review of Plant Biology, 54*(1), 519-546. doi:10.1146/annurev.arplant.54.031902.134938

Chaves, M., Flexas, J., & Pinheiro, C. (2009). Photosynthesis under drought and salt stress: Regulation mechanisms from whole plant to cell. *Annals of Botany, 103*(4), 551-560. doi:10.1093/aob/mcn125

Chaves, M., Maroco, J., & Pereira, J. (2003). Understanding plant responses to drought—from genes to the whole plant. *Functional Plant Biology, 30*(3), 239-264. doi:10.1071/fp02076

Chen, G., Li, D., Yao, P., Chen, F., Yuan, J., Ma, B., . . . He, N. (2024). Metabolic and transcriptional analysis reveals flavonoid involvement in the drought stress response of

mulberry leaves. *International Journal of Molecular Sciences, 25*(13), 7417. doi:10.3390/ijms25137417

Dixon, R., & Paiva, N. (1995). Stress-induced phenylpropanoid metabolism. *The Plant Cell, 7*(7), 1085-1097. doi:10.1105/tpc.7.7.1085

Everette, J., Bryant, Q., Green, A., Abbey, Y., Wangila, G., & Walker, R. (2010). Thorough study of reactivity of various compound classes toward the Folin-Ciocalteu reagent. *Journal of Agricultural and Food Chemistry, 58*(14), 8139-8144. doi:10.1021/jf1005935

Ferrer, J.-L., Austin, M., Stewart, C., & Noel, J. (2008). Structure and function of enzymes involved in the biosynthesis of phenylpropanoids. *Plant Physiology and Biochemistry, 46*(3), 356-370. doi:10.1016/j.plaphy.2007.12.009

Fontanet-Manzaneque, J., Laibach, N., Herrero-García, I., Coleto-Alcudia, V., Blasco-Escámez, D., Zhang, C., . . . Caño-Delgado, A. (2024). Untargeted mutagenesis of brassinosteroid receptor SbBRI1 confers drought tolerance by altering phenylpropanoid metabolism in Sorghum bicolor. *Plant Biotechnology Journal, 22*(12), 3406-3423. doi:10.1111/pbi.14461

Fraser, C., & Chapple, C. (2011). The phenylpropanoid pathway in Arabidopsis. *The Arabidopsis Book, 9*, e0152. doi:10.1199/tab.0152

Geng, D., Chen, P., Shen, X., Zhang, Y., Li, X., Jiang, L., . . . Guan, Q. (2018). MdMYB88 and MdMYB124 enhance drought tolerance by modulating root vessels and cell walls in apple. *Plant Physiology, 178*(3), 1296-1309. doi:10.1104/pp.18.00502

Geng, D., Shen, X., Xie, Y., Yang, Y., Bian, R., Gao, Y., . . . Guan, Q. (2020). Regulation of phenylpropanoid biosynthesis by MdMYB88 and MdMYB124 contributes to pathogen and drought resistance in apple. *Horticulture Research, 7*, 102. doi:10.1038/s41438-020-0324-2

Hernández, I., Alegre, L., Van Breusegem, F., & Munné-Bosch, S. (2009). How relevant are flavonoids as antioxidants in plants? *Trends in Plant Science, 14*(3), 125-132. doi:10.1016/j.tplants.2008.12.003

Kleinwächter, M., & Selmar, D. (2015). New insights explain that drought stress enhances the quality of spice and medicinal plants: Potential applications. *Agronomy for Sustainable Development, 35*(1), 121-131. doi:10.1007/s13593-014-0260-3

Lv, B., Feng, Q., Shao, G., Zuo, A., Yan, X., Liu, J., . . . Ma, P. (2025). The transcription factor Dof32 coordinates salvianolic acid biosynthesis and drought tolerance in Salvia miltiorrhiza. *Plant Physiology, 198*(2), kiaf221. doi:10.1093/plphys/kiaf221

Maeda, H., & Dudareva, N. (2012). The shikimate pathway and aromatic amino acid biosynthesis in plants. *Annual Review of Plant Biology, 63*(1), 73-105. doi:10.1146/annurev-arplant-042811-105439

Mittler, R. (2017). ROS are good. *Trends in Plant Science, 22*(1), 11-19. doi:10.1016/j.tplants.2016.08.002

Nakabayashi, R., Yonekura-Sakakibara, K., Urano, K., Suzuki, M., Yamada, Y., Nishizawa, T., . . . Saito, K. (2014). Enhancement of oxidative and drought tolerance in Arabidopsis by overaccumulation of antioxidant flavonoids. *The Plant Journal, 77*(3), 367-379. doi:10.1111/tpj.12388

Peña Barrena, L., Mats, L., Earl, H., & Bozzo, G. (2024). Phenylpropanoid metabolism in Phaseolus vulgaris during growth under severe drought. *Metabolites, 14*(6), 319. doi:10.3390/metabo14060319

Petersen, M., & Simmonds, M. (2003). Rosmarinic acid. *Phytochemistry, 62*(2), 121-125. doi:10.1016/s0031-9422(02)00513-7

Selmar, D., & Kleinwächter, M. (2013). Stress enhances the synthesis of secondary plant products: The impact of stress-related over-reduction on the accumulation of natural products. *Plant and Cell Physiology, 54*(6), 817-826. doi:10.1093/pcp/pct054

Shariat, A., Karimzadeh, G., Assareh, M., & Hadian, J. (2018). Metabolite profiling and molecular responses in a drought-tolerant savory, Satureja rechingeri exposed to water deficit. *3 Biotech, 8*(11), 477. doi:10.1007/s13205-018-1491-9

Tan, U., & Gören, H. (2024). Comprehensive evaluation of drought stress on medicinal plants: A meta-analysis. *PeerJ, 12*, e17801. doi:10.7717/peerj.17801

Tohge, T., Watanabe, M., Hoefgen, R., & Fernie, A. (2013). Shikimate and phenylalanine biosynthesis in the green lineage. *Frontiers in Plant Science, 4*, 62. doi:10.3389/fpls.2013.00062

Vanholme, R., Demedts, B., Morreel, K., Ralph, J., & Boerjan, W. (2010). Lignin biosynthesis and structure. *Plant Physiology, 153*(3), 895-905. doi:10.1104/pp.110.155119

Vogt, T. (2010). Phenylpropanoid biosynthesis. *Molecular Plant, 3*(1), 2-20. doi:10.1093/mp/ssp106

Watkins, J., Chapman, J., & Muday, G. (2017). Abscisic acid-induced reactive oxygen species are modulated by flavonols to control stomata aperture. *Plant Physiology, 175*(4), 1807-1825. doi:10.1104/pp.17.01010

Watkins, J., Hechler, P., & Muday, G. (2014). Ethylene-induced flavonol accumulation in guard cells suppresses reactive oxygen species and moderates stomatal aperture. *Plant Physiology, 164*(4), 1707-1717. doi:10.1104/pp.113.233528

Wei, Q., Zhang, F., Sun, F., Luo, Q., Wang, R., Hu, R., . . . He, G. (2017). A wheat MYB transcriptional repressor TaMyb1D regulates phenylpropanoid metabolism and enhances tolerance to drought and oxidative stresses in transgenic tobacco plants. *Plant Science, 265*, 112-123. doi:10.1016/j.plantsci.2017.09.020

Yonekura-Sakakibara, K., Higashi, Y., & Nakabayashi, R. (2019). The origin and evolution of plant flavonoid metabolism. *Frontiers in Plant Science, 10*, 943. doi:10.3389/fpls.2019.00943

CHAPTER 3

NEW APPROACHES IN SUSTAINABLE FORAGE PRODUCTION: DROUGHT-TOLERANT ALTERNATIVE PLANTS

Timuçin TAŞ[1]
Aslıhan SUR[2]

Introduction

Forage crops constitute the primary feed resources in livestock production systems worldwide and are considered an important component of sustainable animal production. Economic analyses indicate that feed costs account for approximately 70% of the input costs of a livestock enterprise. Along with global climate change, rising temperatures, changing precipitation patterns, and increasingly severe drought events are posing growing threats to forage crop production and the continuity of feed supply. According to recent FAO data, the global area of permanent meadows and pastures decreased by approximately 238 million ha between 2001

[1]Assoc. Prof. Dr. Timuçin TAŞ, Department of Veterinary Medicine, Kepsut Vocational School, Balıkesir University, Balıkesir, Türkiye. 0000-0002-2144-9064
[2]Assoc. Prof. Dr. Aslıhan SUR, Department of Veterinary Medicine, Kepsut Vocational School, Balıkesir University, Balıkesir, Türkiye. 0000-0002-3692-5510

and 2024 (FAO, 2026). The sustainability of meadows and pastures has been reported to be affected by various factors, including changes in land use, overgrazing, land degradation, climate change, and drought (FAO, 2026). Drought is one of the major climatic risk factors causing substantial yield losses in agricultural production. According to the report of the IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change), drought-related yield losses occurred across three-quarters of the world's agricultural areas, corresponding to approximately 454 million ha, during the period 1983–2009, with the associated economic losses estimated at approximately USD 166 billion (IPCC, 2021). Climate change is defined as changes in the mean values of climatic characteristics that occur over decades or longer periods (IPCC, 2021). Greenhouse gas emissions resulting from human activities, particularly carbon dioxide (CO_2), methane (CH_4), and nitrous oxide (N_2O), are among the primary drivers of the climate change observed today. Among these gases, CO_2 makes the largest contribution to anthropogenic global warming. Atmospheric CO_2 concentration increased from approximately 280 ppm during the pre-industrial period to 410 ppm in 2019 and 423.9 ppm in 2024 (IPCC, 2021). The approximately 52% increase in atmospheric CO_2 concentration relative to the pre-industrial period has been reported to contribute to the global warming and drought conditions experienced today (IPCC, 2021). The ongoing climate change not only gives rise to phenomena such as drought that threaten agricultural production but also contributes to increasing variability in precipitation patterns. Such climatic instability, in addition to drought, may result in floods and other natural disasters and cause yield losses, particularly in agricultural production. As in other crops, increasing temperatures and water limitation in forage crops may adversely affect biomass production, nitrogen fixation, and forage quality (Sollenberger & Kohmann, 2024). These conditions have made the more efficient use of limited water resources and the development and utilization of drought-tolerant alternative forage

crops capable of adapting to changing climatic conditions increasingly important (Brychkova et al., 2022). Forage crops, particularly grasses and legumes, constitute major feed resources for ruminant nutrition worldwide. While grasses play an important role in meeting the energy requirements of ruminants, legume forage crops are also important for animal production because of their high plant protein content. Indeed, the efficient utilization of plant protein derived from legumes by ruminants contributes to the production of high-quality animal protein (Adepoju & Faniyi, 2025). Drought events, which have increased in frequency and severity with climate change, cause substantial losses in forage crop production, thereby, threatening the continuity of feed supply and, consequently, the sustainability of animal production (Tonisi et al., 2026). In particular, increasing temperatures and changes in precipitation patterns intensify pressure on water resources in agricultural production, while restricted access to water further complicates the sustainability of forage production. Therefore, identifying and cultivating plant species that are tolerant of high temperatures and water limitation is becoming increasingly important to maintain production under changing climatic conditions. In this context, drought-tolerant alternative forage crops have emerged as an important option for sustainable forage production (Safaei et al., 2023). Silage maize and alfalfa are among the important forage crops used in substantial amounts in the diets of dairy and beef cattle, whereas soybean is considered an important plant-based feed raw material in animal nutrition, particularly as a protein source. The production of these feed resources becomes increasingly challenging, particularly in regions where water availability is limited and the risk of drought is high. Drought can adversely affect growth, biomass production, and feed supply in widely cultivated forage crops such as maize and soybean. Depending on the severity and duration of water limitation, yield losses may increase the risk of feed shortages in livestock production systems. Similarly, the performance of alfalfa, an

important legume for high-yielding and high-quality forage production, can be affected by water deficiency; however, its response to drought may differ from that of some other forage crops because of its deep root system and capacity for regrowth (Diatta et al., 2021). Therefore, incorporating plant species into production systems that can maintain acceptable biomass production and forage quality under limited water availability, in addition to providing high yield and nutritional value, is becoming increasingly important. Research into incorporating alternative species that can better withstand climatic stresses such as drought and high temperatures than conventional forage crops with high water requirements is increasing (Tonisi et al., 2026). In particular, species adapted to arid and semi-arid conditions, such as finger millet (*Eleusine coracana*), cassava (*Manihot esculenta*), enset (*Ensete ventricosum*), and prickly pear (Opuntia ficus-indica), represent some of the alternative crops that can be used directly as feed sources or incorporated into diets with other feed materials (Tonisi et al., 2026). The importance of these species lies not only in their ability to grow under drought conditions but also in their potential to sustain biomass production in marginal production areas where water resources are limited. However, the sustainability value of an alternative forage crop should not be determined solely by its drought tolerance; rather, characteristics such as dry matter yield, nutrient composition, fiber structure, digestibility, performance in animal diets, and production cost should also be considered. Among tropical forage crops, *Urochloa spp*., guinea grass (*Urochloa maxima*), and Napier grass (*Cenchrus purpureus*) are considered important forage resources because of their high biomass production and capacity to adapt to different environmental conditions. In particular, genotypes of signal grass (*Urochloa brizantha* (A.Rich.)) have attracted attention because their responses to drought and water limitation vary depending on genotype and environmental conditions. The Piatã cultivar of this species has been reported to exhibit lower biomass

losses than other genotypes under certain controlled conditions (Pezzopane et al., 2015). Therefore, rather than adopting a single "drought-tolerant species" approach when evaluating tropical forage crops, consideration of genotype x environment x water availability interactions represents a more realistic approach for identifying forage resources suitable for changing climatic conditions.

The aim of this review is to evaluate drought-tolerant alternative forage resources that are gaining global importance in response to the potential adverse effects of drought and water limitation, which are expected to intensify with climate change, on forage production and the sustainability of livestock production. Within this scope, alternative forage crops capable of adapting to different environmental conditions are evaluated in terms of drought tolerance, production potential, nutritional value, and forage quality, with the aim of elucidating their potential contributions to sustainable livestock production.

Perception of Drought Stress and Development of Plant Defense Responses

The response of plants to drought stress is a dynamic process that begins with the perception of declining soil water availability in root and shoot tissues and progresses through the activation of coordinated responses at physiological, biochemical, and molecular levels. A reduction in the amount of available soil water restricts water uptake by the plant and leads to a decline in tissue water potential. This change triggers the generation of hydraulic signals in roots and leaves, through which the plant rapidly initiates regulatory responses to limit water loss. However, drought responses do not occur in the same sequence in all plants. Hydraulic signals, hormonal regulation, and cellular signaling molecules function in an overlapping manner in terms of both timing and intensity (Comstock, 2002; Wilkinson & Davies, 2010).

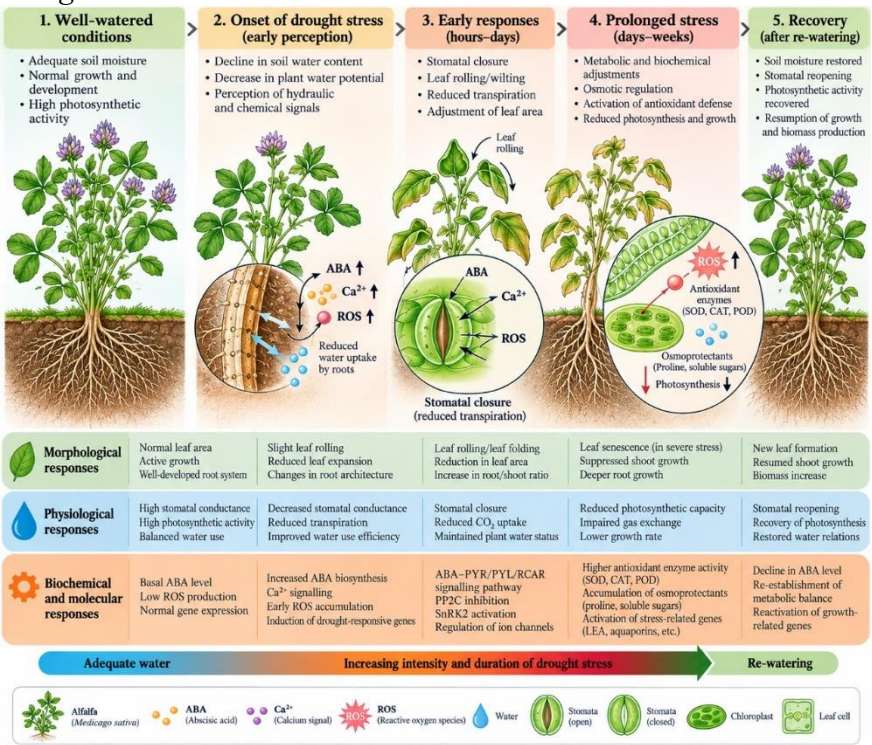
During the early stages of water deficit, the plant's primary priority is to conserve available water and maintain tissue water status as far as possible. Stomatal closure is one of the most rapid defense responses that reduces water loss through transpiration. In some plants, this response is accompanied by physiological adaptations such as leaf folding or rolling, increased leaf pubescence, and reduction in leaf area. These responses reduce the contact between the leaf surface and the surrounding environment, thereby limiting transpirational water loss and contributing to the maintenance of water balance. However, leaf folding is neither a universal nor an obligatory drought response across all plants. This trait may vary depending on plant species and genotype, leaf anatomy, and stress severity. Stomatal closure, in contrast, occurs through the integration of leaf water status and signals originating from the roots. In this way, the plant readjusts the balance between carbon gain and water loss (Comstock, 2002; Chaves et al., 2009).

One of the major regulators of this early response is abscisic acid (ABA). When soil water availability declines, ABA biosynthesis increases, particularly in the vascular tissues of roots and leaves. The transport of ABA from roots to shoots or its direct synthesis in shoot tissues enhances the stomatal closure response of guard cells. Perception of ABA by PYR/PYL/RCAR receptors in guard cells leads to the inhibition of PP2C-type protein phosphatases and activation of SnRK2 protein kinases. This activation alters ion transport and guard cell turgor, thereby reducing stomatal aperture. Thus, during drought, ABA functions not only as a stress hormone but also as a central signaling molecule that limits water loss and coordinates broader stress responses in plants (Comstock, 2002; Liu et al., 2022). ABA signaling does not operate independently. It regulates stomatal closure through interactions with reactive oxygen species (ROS) and Ca^{2+} signaling. Under drought conditions, ABA increases the production of ROS, such as H_2O_2, in guard cells. This

increase in ROS triggers changes in intracellular Ca^{2+} levels, thereby affecting ion channel activity and guard cell turgor. Consequently, the ABA–ROS–Ca^{2+} signaling network constitutes a rapid defense mechanism that promotes stomatal closure and reduces water loss through transpiration. Therefore, the stomatal response observed during the early stages of drought cannot be explained solely by an increase in ABA, but rather results from a complex network of hydraulic and molecular signaling pathways (Liu et al., 2022). If drought stress persists, stomatal closure can limit carbon uptake, while imbalances in photosynthetic electron flow may increase ROS production in cells. However, ROS are not merely indicators of cellular damage; at low to moderate levels, they also function as signaling molecules and contribute to the activation of antioxidant defenses and stress-responsive genes. At this stage, superoxide dismutase (SOD), catalase (CAT), peroxidases (POD), and other antioxidant systems help control ROS-induced damage, thereby contributing to the protection of membranes, proteins, and photosynthetic structures. At the same time, the accumulation of osmotic regulators such as proline and soluble sugars contributes to the regulation of cellular water potential and helps maintain cellular integrity under conditions of limited water availability (Chaves et al., 2009; Liu et al., 2022). As water deficit persists, plants adjust not only their mechanisms for limiting water loss but also their growth and resource allocation. Leaf expansion and shoot growth are generally inhibited earlier than photosynthetic carbon gain. In contrast, maintenance of root elongation or changes in the root-to-shoot ratio may increase the capacity to exploit limited water resources within the soil profile. Reductions in leaf area, decreases in stomatal conductance, and adjustments in photosynthetic activity contribute to water conservation in the short term. However, as the severity and duration of stress increase, reductions in biomass production and forage yield may occur. Therefore, when evaluating drought tolerance in forage crops, the capacity to maintain growth

and biomass production under stress, rather than survival alone, should be considered a key criterion (Chaves et al., 2009; Taleb et al., 2023). Following the cessation of drought stress, the plant's capacity for recovery becomes an important component of drought adaptation. When water becomes available again, the recovery of stomatal conductance, photosynthetic activity, and growth depends on the extent to which membrane integrity, metabolic balance, and root–shoot coordination have been maintained. Particularly in perennial forage crops, the rapid initiation of regrowth and biomass production following drought is important for long-term plant persistence and the continuity of forage production. Indeed, it has been reported that drought adaptation in forage grasses should be evaluated not only in terms of tolerance during stress but also in conjunction with post-drought recovery and persistence traits (Taleb et al., 2023). In addition to these morphological, physiological, and biochemical responses, the photosynthetic metabolism type of plants also plays an important role in regulating carbon gain and water use under high temperature and water-limited conditions. C_4 plants may have certain physiological advantages over C_3 plants in terms of carbon gain and water-use efficiency under high-temperature and high-radiation conditions. However, possessing C_4 photosynthesis alone does not determine drought tolerance; characteristics such as the root system, stomatal regulation, phenology, and osmotic adjustment also collectively shape plant drought performance, making water-use efficiency a complex outcome determined by the combined effects of multiple traits (Leakey et al., 2019). CAM (Crassulacean Acid Metabolism) photosynthesis, on the other hand, limits water loss by taking up CO_2 during the night and therefore provides an important advantage, particularly in forage crops such as Opuntia adapted to arid and semi-arid conditions.

Figure 1. Defense mechanisms of plants at different stages of drought stress



Source: Authors' own work

Effects of Climate Change on Forage Sustainability

Climate change primarily affects forage production through biomass yield and the continuity of feed supply. Particularly during periods of limited water availability, suppression of forage crop growth and development may reduce harvestable dry matter production and increase variability in production among years and seasons. In perennial meadow and pasture species, declines in precipitation and changes in its seasonal distribution may adversely affect the availability of grazeable biomass throughout the year. Therefore, climate variability represents an important challenge for forage production not only in terms of total yield but also with respect to the continuity and predictability of feed supply (Godde et

al., 2021; Balehegn et al., 2022). Changes in climatic conditions may also affect the nutritional value of forages and their characteristics relevant to feeding. High temperatures and reduced water availability can adversely affect plant growth rate, structural carbohydrate accumulation, and nitrogen metabolism. These effects may lead to alterations in the fiber and protein composition of forages. In particular, high temperatures have been reported to increase fiber content (lignin) in some forage crops, thereby reducing digestibility and, consequently, forage value. However, the direction and magnitude of these changes vary depending on plant species, genotype, developmental stage, and environmental conditions (Moyo & Nsahlai., 2021; Sollenberger & Kohmann, 2024). Therefore, from the perspective of sustainable forage production in the future, emphasis should be placed not only on high biomass yield but also on the capacity to maintain forage quality under stress conditions. Fluctuations in forage quantity and quality may create feed deficits and increase the need for supplementary feed, particularly in ruminant production systems. During drought periods, reductions in the availability of high-quality pasture and harvested forage resources make it more difficult to meet the nutritional requirements of animals and may increase producers' dependence on externally sourced feed. This situation is of greater importance in arid and semi-arid regions, where feed resources are limited and production systems are highly sensitive to climatic variability, in terms of production costs and the sustainability of livestock production (Godde et al., 2021; Balehegn et al., 2022). These conditions increase the demand for species diversity and alternative forage resources in forage production. For adaptation to climate change, improving the cultivation practices of existing forage crops alone is not sufficient. At the same time, species capable of producing acceptable levels of biomass and maintaining forage quality under limited water availability need to be incorporated into production systems. In this context, species capable of adapting to

drought and high temperatures, such as sorghum, millet-group crops, and cacti, have attracted attention as alternatives that can complement conventional forage resources. However, when evaluating these species, drought tolerance should be considered together with characteristics such as dry matter yield, nutrient composition, digestibility, animal acceptability, and production cost (Tonisi et al., 2026). Under climate change conditions, increasing the diversity of plant species capable of sustaining production under limited water availability is one of the fundamental requirements for sustainable forage production. This approach may contribute to reducing seasonal and annual fluctuations in feed supply and increasing the resilience of livestock production systems to climate-related uncertainties. Therefore, the following section discusses alternative forage crops that stand out in terms of their ability to adapt to drought and water limitation and their potential for forage production.

Alternative Forage Crops to Conventional Forage Crops

Buffel Grass (*Cenchrus ciliaris* L.)

Buffel grass (*Cenchrus ciliaris* L.) is a perennial forage grass adapted to arid and semi-arid environments and is widely used as a forage resource in dryland livestock systems. Its adaptation to warm and water-limited environments makes it a potential alternative forage species in regions where water availability constrains conventional forage production. Recent evaluations of *C. ciliaris* germplasm have also demonstrated substantial variation in dry matter yield and nutritional traits among accessions, highlighting the importance of genotype selection for forage production (Singh et al., 2023; Ghorbel et al., 2025). Dry matter yield varies considerably among environments and production systems. Under rainfed conditions, reported *C. ciliaris* yields have ranged from approximately 0.5 to 9.35 t ha^{-1} across different environments.

Under limited irrigation of 400–500 mm year^{-1}, Ghorbel et al. (2025) reported dry matter yields of 9.3–18.4 t ha^{-1}. In terms of forage quality, *C. ciliaris* generally contains relatively low to moderate crude protein and high concentrations of structural fiber. In a global evaluation of Cenchrus germplasm, *C. ciliaris* had mean crude protein, NDF, and ADF concentrations of 88.5, 695, and 427 g kg^{-1} DM, respectively, with ranges of 61.1–136, 640–749, and 373–490 g kg^{-1} DM, respectively (Singh et al., 2023). These results indicate considerable variation in forage quality among genotypes. In addition, forage quality is influenced by plant maturity. In a semi-arid, *C. ciliaris*–Leucaena leucocephala pasture, Sánchez and Faria Marmol (2013) found that crude protein content and in vitro organic matter digestibility varied with plant age and plant profile. Buffel grass is also of interest from a water-use perspective. In Saudi Arabia, Ghorbel et al. (2025) reported *C. ciliaris* dry matter yields of 9.3–18.4 t ha^{-1} with an annual water supply of only 400–500 mm, whereas alfalfa produced 11.9–22.6 t ha^{-1} under 2.500–3.000 mm year^{-1} of irrigation in the same study. However, because these production values were obtained for different crops and under different production conditions, they should not be interpreted as a direct estimate of water savings relative to maize. The potential of buffel grass as an alternative to maize silage has also been investigated. Singh et al. (2024) evaluated five *C. ciliaris* genotypes as silage sources for sheep and found that nutrient digestibility, several nutritive-value characteristics were comparable among the *C. ciliaris*, and maize silage diets, although differences occurred for some parameters and among genotypes. Notably, the study demonstrated substantial genotypic variation in the nutritive value of buffel grass silages, supporting the importance of genotype selection when considering *C. ciliaris* as an alternative forage resource.

Figure 2. Buffel grass (Cenchrus ciliaris L.) in Niger



Source: Authors' own photograph

Napier Grass (*Cenchrus purpureus (Schumach.) Morrone*)

Napier grass (*Cenchrus purpureus*) is a perennial C_4 forage crop belonging to the Poaceae family, widely cultivated in tropical and subtropical regions and characterized by high biomass production potential. Owing to its rapid growth, strong regrowth capacity after cutting, and suitability for multiple harvests, it is an important forage resource, particularly in small-ruminant and cattle production. The species can withstand short-term water limitation and includes genotypes capable of maintaining acceptable biomass production under limited water availability. However, drought tolerance varies markedly among genotypes (Muktar et al., 2022; Habte et al., 2022). Because of its rapid growth, vigorous root and rhizome system, drought tolerance, and ability to survive even in nutrient-poor soils, the species may exhibit invasive characteristics. In areas where it is introduced, it may suppress native vegetation through shading and adversely affect biodiversity. Nevertheless, owing to its very high biomass production, it is widely cultivated worldwide, particularly as a highly productive forage crop for

livestock production and as a biofuel feedstock for energy production. One of the most important characteristics of Napier grass is its high dry matter yield. In a two-year evaluation of 84 genotypes, total annual dry matter yield ranged from 2.65 to 68.05 t ha^{-1} under moderate water stress and from 2.47 to 67.35 t ha^{-1} under severe water stress. Mean yields were 34.14 and 32.95 t ha^{-1} $year^{-1}$, respectively. The same study reported that high-biomass-producing genotypes also exhibited high crude protein (CP) content and water-use efficiency. In terms of forage quality, considerable variation exists among *C. purpureus* genotypes. Studies evaluating different genotypes have reported CP values of approximately 7.5–17.0%, NDF values of 61–73%, and metabolizable energy (ME) values of 7.3–9.5 MJ kg^{-1} DM. Because increasing ADF and NDF levels are associated with reduced digestibility, the proportions of fiber (cellulose + hemicellulose) and lignin increase particularly in material harvested at later stages of maturity. Therefore, in addition to achieving high biomass yield, careful selection of an appropriate genotype and harvest time is important in Napier grass production (Habte et al., 2022; Muktar et al., 2022). In terms of water use, Napier grass is one of the species in which high biomass production and water-use efficiency can be selected simultaneously. However, because existing studies have used different soil moisture levels and genotypes, it would not be appropriate to provide a single water-saving value relative to maize. Nevertheless, the identification of genotypes exhibiting high dry matter production and water-use efficiency under drought conditions supports the potential of this species for water-limited production systems.

Figure 3. Napier grass (Cenchrus purpureus (Schumach.) Morrone)



Source: Forest & Kim Starr, Wikimedia Commons (2006). Licensed under CC BY 3.0.

Rhodes Grass (*Chloris gayana Kunth*)

Rhodes grass (*Chloris gayana Kunth*) is a perennial C_4 forage grass native to Africa and cultivated in tropical and subtropical regions for pasture, hay, silage, and erosion control. Its high biomass production, regrowth capacity, and adaptability to different environmental conditions make it a potential alternative forage resource under drought conditions (Ponsens et al., 2010; Lavado & Taleisnik, 2026). Although relatively drought tolerant, its response to water deficit varies among genotypes. In an evaluation of different genotypes, dry matter yield ranged from 4 to 21 t ha^{-1}, indicating substantial variation in performance under drought and the importance of genotype selection (Ponsens et al., 2010). Forage quality is also affected by plant development and harvest timing. At harvests corresponding to 300 and 500 growing degree-days (GDD), crude protein concentrations were 17.4% and 15.6%, while NDF concentrations were 60.9% and 63.2%, respectively. Dry matter digestibility decreased from 64.1% to 62.1% with later harvest (Ruolo et al., 2022).

Rhodes Grass can also tolerate salinity, alkalinity, and temporary water excess to some extent; however, its response depends on genotype, environment, and stress conditions (Lavado & Taleisnik, 2026). These characteristics indicate its potential contribution to perennial forage production under limited and variable water availability. However, a direct comparison of its water use with maize is not appropriate because the available studies were conducted under different experimental conditions. Outside its native range, *C. gayana* can exhibit invasive characteristics, and its rapid spread and dense growth may suppress native vegetation in some regions. Therefore, cultivation in unsuitable areas may pose environmental risks.

Figure 4. Rhodes grass (Chloris gayana Kunth.) and its use in livestock production



Source: Authors' own work

Orchard grass (*Dactylis glomerata L.*)

Orchard grass (*Dactylis glomerata L.*) is a perennial C_3 forage crop belonging to the Poaceae family and used under arid and semi-arid conditions in the Mediterranean region. Its adaptation to drought is particularly associated with its deep root system, summer dormancy, and capacity for rapid recovery following the return of

precipitation. The *D. glomerata* ‘Kasbah’ genotype has been shown to develop pronounced dormancy during summer, and this trait supports survival during prolonged summer drought. In a broad genotype collection, 79% of the genotypes were also reported to survive severe summer drought, and some genotypes exhibited both high dry matter yield and persistence under drought conditions (Zhouri et al., 2019). Three-year studies conducted under Mediterranean conditions have demonstrated important relationships among water-use efficiency, biomass production, and root system characteristics in *D. glomerata* genotypes. In addition, marked differences in dry matter production and WUE have been observed among different Dactylis cultivars under water limitation. Some cultivars have been shown to maintain higher biomass production under restricted water availability. Therefore, the drought tolerance of this species should not be considered a single fixed trait but rather as an adaptive characteristic dependent on genotype and environmental conditions (Lelièvre et al., 2011). In terms of forage quality, *D. glomerata* can provide high CP and moderate fiber content when harvested at an appropriate developmental stage. In a recent field study, CP content among different *D. glomerata* populations ranged from approximately 11.7 to 15.0%, while NDF and ADF ranged from 56.3 to 58.4% and 30.9 to 33.7%, respectively. However, forage quality is strongly influenced by genotype, developmental stage, environment, and growing conditions (Greveniotis et al., 2026). Owing to these characteristics, orchard grass is one of the alternatives capable of supporting the continuity of perennial forage production despite summer drought, particularly under Mediterranean-type precipitation regimes. This species is used in livestock production as hay, for grazing, in pasture systems, and for forage production (Lelièvre et al., 2011).

Figure 5. Orchard grass (Dactylis glomerata L.): plant appearance and forage production.



Source: Authors' own work

Enset (*Ensete ventricosum* (Welw.) Cheesman)

Musaceae family that develops a tree-like appearance similar to banana plants but does not possess a true woody stem. Its natural distribution extends across tropical East Africa, and it is particularly widely cultivated in Ethiopia. Owing to its high biomass production, ability to remain in the field for extended periods, and contribution to the resilience of production systems during drought periods, the species represents an important food and livestock production resource in Ethiopia. The Royal Botanic Gardens, Kew reports that *E.ventricosum* occurs in seasonally dry tropical environments and is also used as animal feed (Kew, 2026). One of the most notable characteristics of enset in relation to drought is its ability to retain its water-rich vegetative organs, which produce substantial amounts of biomass, as a feed resource during dry periods. Mohammed et al. (2013) reported that the plant has a total water content of

approximately 85–90%, a characteristic that is particularly important for animal feeding during periods when other forage resources become scarce. The presence of approximately 13% CP, 20% crude fiber, and 10% sugars in the leaves supports the use of the leaves as forage during the dry season. However, nutrient composition varies considerably among different parts of the plant. The pseudo stem contains relatively low levels of protein but may be richer in soluble carbohydrates and starch. Fekadu and Ledin (1997) reported that the mean dry matter content of leaves from three *E. ventricosum* genotypes was 11.7%, while CP, NDF, and ADF contents ranged from 7.6–12.6%, 23.7–62.7%, and 9.8–40.9%, respectively. In the same study, lignin content of the leaves was 6.7%, and the ruminal degradability of different plant parts was found to be relatively high compared with several other forage resources. Therefore, the feeding value of enset should be evaluated not only in terms of CP content but also by considering its very low dry matter content, high water content, and fiber characteristics together. In addition, the leaves may not constitute a nutritionally balanced ration when used alone and may require supplementation with complementary feeds, particularly to meet energy and mineral requirements. An important advantage of enset is its potential to simultaneously alleviate water and feed shortages during dry periods. However, research supporting its use as animal feed outside Ethiopia remains limited (Tonisi et al., 2026).

Figure 6. Images of enset (Ensete ventricosum (Welw.) Cheesman)



Source: B. T. Wursten, photograph no. 740, Vumba, Zimbabwe (22 December 2003)

Cassava and Pornunça (*Manihot spp*.)

Cassava (*Manihot esculenta Crantz*) is a perennial plant belonging to the Euphorbiaceae family, cultivated in tropical and subtropical regions, and known for its relatively high drought tolerance. Its leaves and young stems are used as a protein-rich forage resource, whereas its starch-rich tuberous roots are primarily used as an energy feed. Under drought conditions, the plant can limit water use through mechanisms such as leaf shedding and reduced growth, and it retains the capacity for regrowth following stress. However, drought tolerance is genotype-dependent. Prolonged or severe water deficit can cause substantial losses in root yield, leaf retention, and carbon gain. Multi-year field studies have shown that tolerant genotypes maintain their yield better than susceptible genotypes. Pornunça (*Manihot sp*.) is a natural hybrid between cassava (*Manihot esculenta*) and wild cassava (*Manihot pseudoglaziovii*). It is characterized by high yield, tolerance to cutting and water stress, high starch and crude protein contents, and

strong regrowth capacity (Carvalho et al., 2017; Alencar et al., 2019). Under semi-arid conditions in Brazil, fresh forage yield has been reported to increase from 3.5 t ha^{-1} with a single cut in the first year to 27.2 t ha^{-1} with two cuts in the third year (Silva et al., 2009). Forage quality varies according to the proportion of Pornunça in the silage. In a recent study, increasing the proportion of Pornunça in total mixed ration silages decreased dry matter content from 35.2 to 21.7% and total digestible nutrients from 74.2 to 59.7% DM. In the silage containing only Pornunça (100:0), NDF and ADF contents were 48.3 and 37.5% DM, respectively (de Sousa et al., 2026). An important nutritional limitation of Manihot species is their content of cyanogenic glycosides, which can release hydrogen cyanide (HCN) upon hydrolysis. Therefore, fresh leaves should not be offered directly to ruminants in large quantities. Wilting, drying, and particularly ensiling can substantially reduce HCN levels and improve feed safety (Carvalho et al., 2017). In a study conducted with sheep, HCN concentration decreased from 207.7 mg kg^{-1} DM in fresh Pornunça leaves to 76.78 mg kg^{-1} DM in silage (Amorim et al., 2023). Therefore, when Manihot species are considered as forage resources during dry periods, ensuring feed safety through appropriate processing is as important as their drought tolerance. The use of forage crops adapted to semi-arid regions together with ensiling can increase feed availability, particularly during dry periods, and contribute to the sustainability of sheep production (Carvalho et al., 2017). In this context, Pornunça represents an alternative forage resource for ruminants because of its abundance, nutritional characteristics, and production potential (Amorim et al., 2023).

Figure 7. Different parts of cassava (Manihot esculenta Crantz)



Source: Green Cover Initiative, "Manihot esculenta: Tapioca, Casava." Available at: https://greencoverinitiative.com/vegetables/manihot-esculenta-tapioca-cassava/

Moringa (*Moringa oleifera Lam*.)

Moringa oleifera Lam. (Moringaceae) is a perennial, woody forage tree. Native to the northwestern part of the Indian subcontinent, the species is now widely cultivated throughout tropical and subtropical regions. Its ability to adapt to high temperatures and low water availability, rapid growth, and capacity for regrowth after cutting make it a potential alternative forage resource, particularly in arid and semi-arid regions (Nouman et al., 2014; Abdoun et al., 2023). Leaves, young shoots, and leafy fine stems are primarily used in animal feeding. These materials can be utilized fresh, dried, or as forage meal. Moringa leaves have considerable potential for supplementing protein-deficient diets because of their high crude protein and amino acid contents, as well as their richness in minerals and vitamins. However, their nutritional composition varies depending on plant developmental stage, cutting time, and leaf-to-stem ratio (Su & Chen, 2020; Valdivié-Navarro et al., 2020).

One of the most notable characteristics of Moringa as a forage is its high crude protein content. Reported values for Moringa leaves range from approximately 15–30% DM for crude protein, 16–45% DM for NDF, and 11–31% DM for ADF. However, these values can vary considerably depending on genotype, developmental stage, and harvesting conditions. Harvesting leafy material together with fine stems may increase fiber content; therefore, maintaining a high leaf proportion is important for achieving good forage quality (Valdivié-Navarro et al., 2020; Su & Chen, 2020). Another important advantage of Moringa is its ability to produce new shoots and leaves after cutting or pruning. This characteristic allows the plant to be repeatedly used as a forage resource (Nouman et al., 2013; Abdoun et al., 2023). Moringa leaves may contain secondary compounds such as tannins, phytate, and saponins, and their levels vary depending on the plant material and conditions of use (Falowo et al., 2018; Abdoun et al., 2023). Thus, rather than being considered a direct replacement for maize as a silage forage crop, Moringa can be regarded as a perennial alternative forage tree capable of providing protein-rich leaf biomass under arid and semi-arid conditions.

Figure 8. An image of a Moringa (Moringa oleifera Lam.) tree.



Source: Agyepong (2009), Master's thesis, University of South Africa.

Saltbush (*Atriplex spp*.)

Saltbush (*Atriplex spp*.) comprises mainly perennial, woody or semi-woody xerohalophytic shrubs belonging to the Amaranthaceae family. These plants have long been used as livestock forage in arid and semi-arid regions of Africa, Asia, and Australia. Their tolerance to low water availability and high soil salinity allows them to be utilized in marginal areas where conventional forage crops cannot be successfully produced. Some species can develop rapidly on degraded soils and adapt to stress conditions such as drought and salinity. Species such as Atriplex nummularia are particularly important for livestock production because they can provide green biomass during dry periods when other pasture plants have dried out (Ben Salem et al., 2010). The adaptation of Atriplex species to drought and salinity is associated with extensive root systems, morphological characteristics that reduce water loss from the leaves, and mechanisms involved in salt accumulation and exclusion. In some species, deep rooting enables the utilization of water from deeper layers of the soil profile, whereas small, waxy leaf surfaces limit transpiration losses. These characteristics make Atriplex a supplementary forage resource, particularly in arid regions characterized by low rainfall and saline soils. However, traits such as rooting depth, cold tolerance, rainfall requirements, and long-term forage production capacity vary depending on species and environmental conditions. The aboveground biomass, particularly leaves and young shoots, is primarily used for animal feeding. Although forage quality varies according to species, plant organ, and developmental stage, a study examining different Atriplex species reported that crude protein content generally did not fall below 16%, while organic matter solubility ranged from approximately 50 to 70% (Colomer & Passera, 1990). For *Atriplex halimus*, a CP of 16.16% has been reported for the edible leafy material, (Otal et al., 2010) whereas

another study reported CP, NDF, and ADF contents of 24.85, 51.11, and 26.62% of dry matter, respectively (Rabee et al., 2023). Because leafy material is generally more advantageous than stem-rich material in terms of forage quality, maintaining a high proportion of leaves is important. However, the high mineral content accumulated by the plant, particularly sodium (Na), can constitute an important constraint. Its inclusion at high proportions in the diet may adversely affect palatability and reduce feed intake, while also impairing the absorption of other nutrients in the intestine and limiting their efficient utilization. Although sheep and goats can consume the leaves and young branches, a more appropriate feeding approach is to use Atriplex together with other low-salt roughages and to ensure that animals have adequate access to drinking water (Ben Salem et al., 2010). Thus, rather than serving as a direct replacement for high-quality conventional forages, *Atriplex spp*. can be considered perennial alternative forage shrubs capable of reducing green forage shortages during dry seasons, particularly in areas where drought and salinity occur simultaneously.

Figure 9. Images of saltbush (Atriplex spp.)



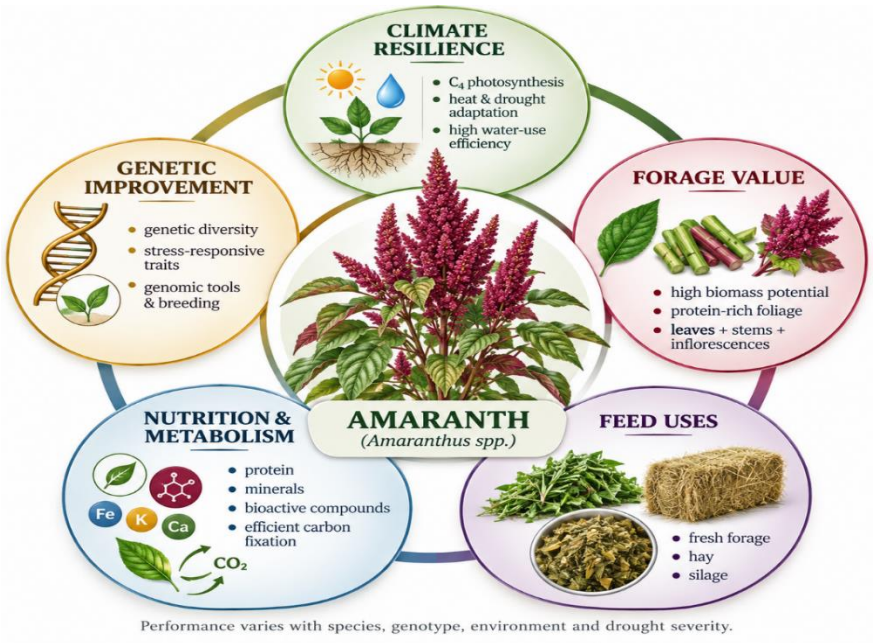
Source: NSW National Parks and Wildlife Service, "Saltbush

Amaranth (*Amaranthus spp*.)

Amaranth (*Amaranthus spp*.) has attracted attention as an alternative forage crop under drought conditions because of its ability to adapt to high temperatures and water limitation, grow under diverse environmental conditions, and utilize C_4 photosynthetic metabolism. Studies on Amaranthus hypochondriacus have shown that the species possesses physiological and biochemical adaptation mechanisms that enable it to maintain water-use efficiency under water-limited conditions. However, drought tolerance in amaranth does not imply that yield remains unaffected under stress conditions. Significant differences in biomass production may occur depending on genotype and stress intensity (Ahrar et al., 2020; Pulvento et al., 2022). Another important characteristic of amaranth as a forage crop is its high biomass production and protein content. For *A. hypochondriacus*, dry matter yields of approximately 16.7 t ha^{-1} have been reported in the literature; the leaves, stems, and panicles of the plant can be utilized as fresh forage, hay, or silage in ruminant nutrition. In a study conducted in Türkiye, different amaranth cultivars were grown under irrigated and dryland conditions, and the forage quality characteristics of the leaves, panicles, and stems were evaluated. The results showed that growing conditions and plant organs significantly affected forage value (Temel & Keskin, 2022). In terms of nutritional value, the notable characteristics of amaranth include its high crude protein content and relatively low fiber and lignin contents. Different studies have shown that amaranth forage has high ruminal degradability and that fresh or ensiled material can be used as a suitable forage resource for ruminants (Seguin et al., 2013). Studies comparing *A. hypochondriacus* and maize silage have reported that amaranth silage has higher crude protein and lower NDF and lignin contents, whereas maize has higher total dry matter yield than amaranth and amaranth silage generally has moderate

silage quality (Rezaei et al., 2015; Lotfi et al., 2022). Another important advantage of amaranth is its potential to be produced with lower water requirements than maize. Literature values of approximately 260 g water g^{-1} dry biomass for amaranth and 370 g water g^{-1} for maize have been reported. However, these values were obtained under different experimental conditions and should not be considered a direct comparison under the same field conditions. More recent studies have also shown that amaranth can be cultivated under water-deficit conditions and that limited irrigation can increase water-use efficiency (Lotfi et al., 2022; Pulvento et al., 2022). Nevertheless, the high fresh matter and moisture content of amaranth can constitute an important technological limitation, particularly for ensiling. In addition, the presence of nitrates and oxalates in amaranth requires consideration of harvesting time, processing, and dietary inclusion level in terms of feed safety. Indeed, ensiling has been reported to reduce soluble oxalate content. Therefore, rather than being considered a direct yield-equivalent replacement for maize, amaranth can be regarded as a high-protein complementary alternative forage resource that can increase diversity in forage production systems, particularly in regions affected by drought and water limitation.

Figure 10. The crop of the future, Amaranth (Amaranthus spp.)



Source: Authors' own work

Cactus (*Opuntia ficus-indica (L.) Mill.*)

Cactus (*Opuntia ficus-indica (L.) Mill.*) is one of the sustainable alternative forage resources, particularly in arid and semi-arid regions, because it can provide biomass and green forage under low water availability. The ability of this species to withstand prolonged water limitation is associated not only with its water-storage capacity but also with the coordinated functioning of mechanisms that promote water storage and limit water loss. The fleshy and flattened cladodes, which largely perform the photosynthetic functions of leaves, contain water-storing parenchyma tissues. These mucilage-containing tissues contribute to water retention. In addition, *O. ficus-indica* has CAM photosynthesis, allowing it to take up a substantial proportion of CO_2 at night while keeping its stomata largely closed during the day,

thereby limiting water loss through transpiration. Thus, water obtained from short rainfall events can be stored in the cladodes and used in a controlled manner during prolonged drought periods. Indeed, O. ficus-indica has been reported to rehydrate rapidly after prolonged water deficit when irrigation is restored (Scalisi et al., 2016). As one of the most extensively studied species of the Cactaceae family in terms of animal feeding, *O. ficus-indica* is particularly utilized as a succulent, energy-providing forage material during dry periods. Although the dry matter content of cladodes is generally low, at approximately 5–15%, their high water content can contribute to animals water intake through feed. Their high soluble carbohydrate content also provides energy. In contrast, their crude protein content is low compared with that of other forage crops (Dubeux et al., 2021; Pastorelli et al., 2022; Tonisi et al., 2026). Forage quality varies depending on species, cultivar, cladode age, harvesting time, and growing conditions. In general, young cladodes have higher crude protein and lower NDF and ADF contents, whereas fiber and lignin contents increase and protein content decreases with maturation. Approximately 3–6% crude protein, 26–28% NDF, and 16–19% ADF have been reported for different Opuntia materials (Dubeux et al., 2021). Its low structural fiber content and high digestibility make cactus a valuable complementary resource, particularly when used together with low-quality roughages such as straw. Indeed, the use of cactus together with straw has been reported to support feed intake and animal performance (Dubeux et al., 2021). Because of these characteristics, *O. ficus-indica* should be considered not as a high-dry-matter forage capable of directly replacing maize, but as a succulent, energy-providing, and complementary alternative forage resource that can support forage systems during dry periods. Because of its low dry matter and protein contents, it is not expected to provide a balanced ration when used alone. It should therefore be evaluated particularly

in combination with protein-rich feeds (Dubeux et al., 2021; Pastorelli et al., 2022).

Conclusions and Recommendations

Increasing temperatures, variability in precipitation patterns, and drought associated with climate change threaten the continuity of forage production. Under these conditions, increasing the productivity of existing forage crops alone is not sufficient to ensure sustainable livestock production. Incorporating alternative forage resources capable of maintaining production under water limitation and other environmental stresses is therefore important for climate change adaptation. The *Cenchrus, Chloris, Dactylis, Ensete, Manihot, Moringa, Atriplex, Amaranthus*, and *Opuntia* species discussed in this chapter can adapt to drought conditions through different mechanisms. Traits such as deep rooting, C_4 or CAM photosynthesis, water storage, salinity tolerance, and rapid regrowth can contribute to maintaining forage production under stressful conditions. However, drought tolerance alone does not necessarily indicate high forage yield or quality. Therefore, forage yield, nutritional quality, water requirements, animal performance, feed safety, and production costs should be considered together when evaluating alternative forage resources. Future research should focus not only on determining which plant is drought tolerant, but also on which plant can produce how much and how nutritious forage with a given amount of water under specific environmental conditions. Multi-year and multi-location studies evaluating dry matter yield per unit of water, forage quality, digestibility, and animal performance together will contribute to the appropriate integration of alternative forage resources into sustainable production systems.

References

Abdoun, K., Alsagan, A., Altahir, O., Suliman, G., Al-Haidary, A., & Alsaiady, M. (2023). Cultivation and uses of Moringa oleifera as non-conventional feed stuff in livestock production: A review. Life, 13(1), 63. https://doi.org/10.3390/life13010063

Adepoju, S. A., & Faniyi, T. O. (2025). Synergizing plant breeding and animal nutrition: A review on the development of drought-tolerant and high-nutrient forage grasses and legumes. Innovations in Agriculture, 8, 1–10. https://doi.org/10.3897/ia.2025.163461

Ahrar, A., Paknejad, F., Tabatabaei, S. A., Aghayari, F., & Soltani, E. (2020). Evaluation of forage amaranth (Amaranthus hypochondriacus L.) yield via comparing drought tolerance and susceptibility indices. Italian Journal of Agrometeorology, (3), 31–40. https://doi.org/10.13128/ijam-868

Alencar, F. H. H. de, da Silva, D. S., de Andrade, A. P., Bruno, R. de L. A., Melo Junior, J. L. de A., Melo, L. D. F. de A., & de Medeiros, A. N. (2019). Potential forage of Manihot spp. under the effect of cuts and sources of organic fertilization. Journal of Agricultural Science, 11(16), 30–37. https://doi.org/10.5539/jas.v11n16p30

Amorim, J. S., Gois, G. C., e Silva, A. F., dos Santos, M. A., de Figueirêdo, P. I., de Miranda, J. O., Rodrigues, R. T. de S., de Araújo, G. G. L., & Voltolini, T. V. (2023). Nutritional, physiological, hematological, and biochemical responses of lambs fed increasing levels of Pornunça silage. Scientia Agricola, 80, e20210037. https://doi.org/10.1590/1678-992X-2021-0037

Balehegn, M., Ayantunde, A., Amole, T., Njarui, D., Nkosi, B. D., Müller, F. L., Meeske, R., Tjelele, T. J., Malebana, I. M., Madibela, O. R., Boitumelo, W. S., Lukuyu, B., Weseh, A., Minani,

E., & Adesogan, A. T. (2022). Forage conservation in sub-Saharan Africa: Review of experiences, challenges, and opportunities. Agronomy Journal, 114(1), 75–99. https://doi.org/10.1002/agj2.20954

Ben Salem, H., Norman, H. C., Nefzaoui, A., Mayberry, D. E., Pearce, K. L., & Revell, D. K. (2010). Potential use of oldman saltbush (Atriplex nummularia Lindl.) in sheep and goat feeding. Small Ruminant Research, 91(1), 13–28. https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2009.10.017

Brychkova, G., Kekae, K., McKeown, P. C., Hanson, J., Jones, C. S., Thornton, P., & Spillane, C. (2022). Climate change and land-use change impacts on future availability of forage grass species for Ethiopian dairy systems. Scientific Reports, 12, 20512. https://doi.org/10.1038/s41598-022-23461-w

Carvalho, G. G. P. de, Rebouças, R. A., Campos, F. S., Santos, E. M., Araújo, G. G. L., Gois, G. C., Oliveira, J. S. de, Oliveira, R. L., Rufino, L. M. de A., Azevedo, J. A. G., & Cirne, L. G. A. (2017). Intake, digestibility, performance, and feeding behavior of lambs fed diets containing silages of different tropical forage species. Animal Feed Science and Technology, 228, 140–148. https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2017.04.006

Chaves, M. M., Flexas, J., & Pinheiro, C. (2009). Photosynthesis under drought and salt stress: Regulation mechanisms from whole plant to cell. Annals of Botany, 103(4), 551–560. https://doi.org/10.1093/aob/mcn125

Colomer, J. S., & Passera, C. B. (1990). The nutritional value of Atriplex spp. as fodder for arid regions. Journal of Arid Environments, 19(3), 289–295. https://doi.org/10.1016/S0140-1963(18)30793-6

Comstock, J. P. (2002). Hydraulic and chemical signalling in the control of stomatal conductance and transpiration. Journal of Experimental Botany, 53(367), 195–200. https://doi.org/10.1093/jexbot/53.367.195

de Sousa, A. R., de Araújo, M. J., Medeiros, O. T., Dias-Silva, T. P., Gurgel, A. L. C., de Souza Miranda, R., Bezerra, L. R., Ítavo, L. C. V., Difante, G. S., & Edvan, R. L. (2026). Fermentation quality, microbial dynamics, and rumen degradability of total mixed ration silages containing Manihot sp. foliage. Tropical Animal Health and Production, 58, 141. https://doi.org/10.1007/s11250-026-04934-w

Diatta, A. A., Min, D., & Jagadish, S. V. K. (2021). Drought stress responses in non-transgenic and transgenic alfalfa—Current status and future research directions. Advances in Agronomy, 170, 35–100. https://doi.org/10.1016/bs.agron.2021.06.002

Dubeux, J. C. B., Jr., dos Santos, M. V. F., da Cunha, M. V., dos Santos, D. C., de Almeida Souza, R. T., de Mello, A. C. L., & de Souza, T. C. (2021). Cactus (Opuntia and Nopalea) nutritive value: A review. Animal Feed Science and Technology, 275, 114890. https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2021.114890

Falowo, A. B., Mukumbo, F. E., Idamokoro, E. M., Lorenzo, J. M., Afolayan, A. J., & Muchenje, V. (2018). Multi-functional application of Moringa oleifera Lam. in nutrition and animal food products: A review. Food Research International, 106, 317–334. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.12.079

FAO (2026). Food and Agriculture Organization of the United Nations, Land statistics 2001–2024: Global, regional and country trends (FAOSTAT Analytical Brief No. 129). https://doi.org/10.4060/cc0789en

Fekadu, D., & Ledin, I. (1997). Weight and chemical composition of the plant parts of enset (Ensete ventricosum) and the

intake and degradability of enset by cattle. Livestock Production Science, 49(3), 249–257. https://doi.org/10.1016/S0301-6226(97)00047-X

Ghorbel, M., Alghamdi, A., Brini, F., Hawamda, A. I. M., & Mseddi, K. (2025). Mitigating water loss in arid lands: Buffelgrass as a potential replacement for alfalfa in livestock feed. Agronomy, 15(2), 371. https://doi.org/10.3390/agronomy15020371

Godde, C. M., Mason-D'Croz, D., Mayberry, D. E., Thornton, P. K., & Herrero, M. (2021). Impacts of climate change on the livestock food supply chain: A review of the evidence. Global Food Security, 28, 100488. https://doi.org/10.1016/j.gfs.2020.100488

Greveniotis, V., Bouloumpasi, E., Skendi, A., Kantas, D., & Ipsilandis, C. G. (2026). Nutritional and fiber quality assessment of native Greek Dactylis glomerata populations. Agriculture, 16(11), 1132. https://doi.org/10.3390/agriculture16111132

Habte, E., Teshome, A., Muktar, M. S., Assefa, Y., Negawo, A. T., Machado, J. C., Ledo, F. J. da S., & Jones, C. S. (2022). Productivity and feed quality performance of Napier grass (Cenchrus purpureus) genotypes growing under different soil moisture levels. Plants, 11(19), 2549. https://doi.org/10.3390/plants11192549

IPCC (2021). Intergovernmental Panel on Climate Change, Climate change 2021: The physical science basis. Cambridge University Press. https://doi.org/10.1017/9781009157896

Pezzopane, J. R. M., Santos, P. M., Cruz, P. G. da, Altoé, J., Ribeiro, F. A., & Valle, C. B. do. (2015). Estresse por deficiência hídrica em genótipos de Brachiaria brizantha. Ciência Rural, 45(5), 871–876. https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20130915

Kew (2026). Royal Botanic Gardens, Ensete ventricosum (Welw.) Cheesman. Plants of the World Online. Retrieved October 3, 2026, from Plants of the World Online

Lavado, R. S., & Taleisnik, E. (2026). Adaptation of Chloris gayana to abiotic stress conditions: A review. Grasses, 5(3), 29. https://doi.org/10.3390/grasses5030029

Leakey, A. D. B., Ferguson, J. N., Pignon, C. P., Wu, A., Jin, Z., Hammer, G. L., & Lobell, D. B. (2019). Water use efficiency as a constraint and target for improving the resilience and productivity of C_3 and C_4 crops. Annual Review of Plant Biology, 70, 781–808. https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042817-040305

Lelièvre, F., Seddaiu, G., Ledda, L., Porqueddu, C., & Volaire, F. (2011). Water use efficiency and drought survival in Mediterranean perennial forage grasses. Field Crops Research, 121(3), 333–342. https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.12.023

Liu, H., Song, S., Zhang, H., Li, Y., Niu, L., Zhang, J., & Wang, W. (2022). Signaling Transduction of ABA, ROS, and Ca2+ in Plant Stomatal Closure in Response to Drought. International Journal of Molecular Sciences, 23(23), 14824. https://doi.org/10.3390/ijms232314824

Lotfi, S., Rouzbehan, Y., Fazaeli, H., Feyzbakhsh, M. T., & Rezaei, J. (2022). The nutritional value and yields of amaranth (Amaranthus hypochondriacus) cultivar silages compared to silage from corn (Zea mays) harvested at the milk stage grown in a hot-humid climate. Animal Feed Science and Technology, 289, 115336. https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2022.115336

Mohammed, B., Gabel, M., & Karlsson, L. M. (2013). Nutritive values of the drought tolerant food and fodder crop enset. African Journal of Agricultural Research, 8(20), 2326–2333. https://doi.org/10.5897/AJAR12.1296

Moyo, M., & Nsahlai, I. (2021). Consequences of increases in ambient temperature and effect of climate type on digestibility of forages by ruminants: A meta-analysis in relation to global warming. Animals, 11(1), 172. https://doi.org/10.3390/ani11010172

Muktar, M. S., Habte, E., Teshome, A., Assefa, Y., Negawo, A. T., Lee, K.-W., Zhang, J., & Jones, C. S. (2022). Insights into the genetic architecture of complex traits in Napier grass (Cenchrus purpureus) and QTL regions governing forage biomass yield, water use efficiency and feed quality traits. Frontiers in Plant Science, 12, 678862. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.678862

Nouman, W., Siddiqui, M. T., Basra, S. M. A., Farooq, H., Zubair, M., & Gull, T. (2013). Biomass production and nutritional quality of Moringa oleifera as a field crop. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 37(4), 410–419. https://doi.org/10.3906/tar-1206-29

Nouman, W., Basra, S. M. A., Siddiqui, M. T., Yasmeen, A., Gull, T., & Alcayde, M. A. C. (2014). Potential of Moringa oleifera L. as livestock fodder crop: A review. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 38(1), 1–14. https://doi.org/10.3906/tar-1211-66

Otal, J., Orengo, J., Quiles, A., Hevia, M. L., & Fuentes, F. (2010). Characterization of edible biomass of Atriplex halimus L. and its effect on feed and water intakes, and on blood mineral profile in non-pregnant Manchega-breed sheep. Small Ruminant Research, 91(2–3), 208–214. https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2010.03.016

Pastorelli, G., Serra, V., Vannuccini, C., & Attard, E. (2022). Opuntia spp. as alternative fodder for sustainable livestock production. Animals, 12(13), 1597. https://doi.org/10.3390/ani12131597

Ponsens, J., Hanson, J., Schellberg, J., & Moeseler, B. M. (2010). Characterization of phenotypic diversity, yield and response to drought stress in a collection of Rhodes grass (Chloris gayana Kunth) accessions. Field Crops Research, 118(1), 57–72. https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.04.008

Pulvento, C., Sellami, M. H., & Lavini, A. (2022). Yield and quality of Amaranthus hypochondriacus grain amaranth under drought and salinity at various phenological stages in southern Italy. Journal of the Science of Food and Agriculture, 102(9), 3813–3823. https://doi.org/10.1002/jsfa.11088

Rabee, A. E., Abd El Rahman, T., & Lamara, M. (2023). Changes in the bacterial community colonizing extracted and non-extracted tannin-rich plants in the rumen of dromedary camels. PLOS ONE, 18(3), e0282889. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0282889

Rezaei, J., Rouzbehan, Y., Zahedifar, M., & Fazaeli, H. (2015). Effects of dietary substitution of maize silage by amaranth silage on feed intake, digestibility, microbial nitrogen, blood parameters, milk production and nitrogen retention in lactating Holstein cows. Animal Feed Science and Technology, 202, 32–41. https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2015.01.016

Ruolo, M. S., Pérez, H. E., & Rodriguez, A. M. (2022). Light interception, yield, spring regrowth and quality of Chloris gayana under different defoliation regimes. New Zealand Journal of Agricultural Research, 65(6), 573–585. https://doi.org/10.1080/00288233.2022.2038212

Safaei, A. R., Aghashahi, A., & Feyzbakhsh, M. T. (2023). Silage characterization, fermentability, digestibility, metabolizable energy and protein on forages silage of three new cultivars of Amaranthus hypochondriacus. Journal of Ruminant Research, 11(1), 55-74.

Sánchez, A., & Faria Marmol, J. (2013). Efecto de la madurez de la planta en el contenido de nutrientes y la digestibilidad en una asociación Cenchrus ciliaris–Leucaena leucocephala. Zootecnia Tropical, 31(1), 50–56.

Scalisi, A., Morandi, B., Inglese, P., & Lo Bianco, R. (2016). Cladode growth dynamics in Opuntia ficus-indica under drought. Environmental and Experimental Botany, 122, 158–167. https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2015.10.003

Seguin, P., Mustafa, A. F., Donnelly, D. J., & Gélinas, B. (2013). Chemical composition and ruminal nutrient degradability of fresh and ensiled amaranth forage. Journal of the Science of Food and Agriculture, 93(15), 3730–3736. https://doi.org/10.1002/jsfa.6218

Silva, A. F., Santos, A. P. G., Oliveira, A. P. D., Moraes, S. A., & Santana, L. M. (2009). Produção de forragem e composição química da pornunça cultivada sob solo com fertilidade natural em Petrolina–PE. Revista Brasileira de Agroecologia, 4(2), 1268–1272.

Singh, S., Singh, T., Singh, K. K., Srivastava, M. K., Das, M. M., Mahanta, S. K., Kumar, N., Katiyar, R., Ghosh, P. K., & Misra, A. K. (2023). Evaluation of global Cenchrus germplasm for key nutritional and silage quality traits. Frontiers in Nutrition, 9, 1094763. https://doi.org/10.3389/fnut.2022.1094763

Singh, S., Koli, P., Singh, T., Das, M. M., Maity, S. B., Singh, K. K., Katiyar, R., Misra, A. K., Mahanta, S. K., Srivastava, M. K., Anele, U. Y., Oderinwale, O. A., & Ren, Y. (2024). Assessing genotypes of buffel grass (Cenchrus ciliaris) as an alternative to maize silage for sheep nutrition. PLOS ONE, 19(5), e0304328. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0304328

Sollenberger, L. E., & Kohmann, M. M. (2024). Forage legume responses to climate change factors. Crop Science, 64(5), 2419–2432. https://doi.org/10.1002/csc2.21304

Su, B., & Chen, X. (2020). Current status and potential of Moringa oleifera leaf as an alternative protein source for animal feeds. Frontiers in Veterinary Science, 7, 53. https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00053

Taleb, M. H., Majidi, M. M., Pirnajmedin, F., & Mirmohammady Maibody, S. A. M. (2023). Plant functional trait responses to cope with drought in seven cool-season grasses. Scientific Reports, 13, 5285. https://doi.org/10.1038/s41598-023-31923-y

Temel, S., & Keskin, B. (2022). Determination of forage quality properties of plant parts in different amaranth varieties cultivated under irrigated and rainfed conditions. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 53(2), 122–132. https://doi.org/10.54614/AUAF.2022.1034402

Tonisi, S., Kaseke, T., Masondo, N. A., Adeyemi, J. O., & Fawole, O. A. (2026). Advancements in sustainable livestock feed: Harnessing drought-tolerant crops. Animals, 16(5), 753. https://doi.org/10.3390/ani16050753

Valdivié-Navarro, M., Martínez-Aguilar, Y., Mesa-Fleitas, O., Botello-León, A., Betancur Hurtado, C., & Velázquez-Martí, B. (2020). Review of Moringa oleifera as forage meal (leaves plus stems) intended for the feeding of non-ruminant animals. Animal Feed Science and Technology, 260, 114338. https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2019.114338

Wilkinson, S., & Davies, W. J. (2010). Drought, ozone, ABA and ethylene: New insights from cell to plant to community. Plant,

Cell & Environment, 33(4), 510–525. https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2009.02052.x

Zhouri, L., Kallida, R., Shaimi, N., Barre, P., Volaire, F., Gaboun, F., & Fakiri, M. (2019). Evaluation of cocksfoot (Dactylis glomerata L.) population for drought survival and behavior. Saudi Journal of Biological Sciences, 26(1), 49–56. https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2016.12.002

CHAPTER 4

FASULYEDE ABİYOTİK STRES TOLERANSININ GELİŞTİRİLMESİNDE FENOTİPLEME, OMİK TEKNOLOJİLERİ VE GENOM DESTEKLİ ISLAH

Ümit GİRGEL[1]

Giriş

Fasulyede abiyotik stres toleransı, tek bir savunma mekanizmasının varlığıyla açıklanamaz. Kuraklıkta su edinimi, stomatal düzenleme ve fotosentatın baklaya taşınması; sıcaklıkta polen gelişimi ve gece solunumu; tuzlulukta iyon dışlama ve ozmotik denge; su baskınında hipoksiye dayanım farklı genetik ve fizyolojik bileşenler gerektirir. Aynı stresin erken vejetatif dönem ile çiçeklenmede oluşturduğu zarar da farklıdır. Bu nedenle ıslah hedefi "stres toleransı" gibi genel bir etiket yerine, belirli çevre ve gelişme döneminde verim ile kaliteyi koruyan bir özellik paketi olarak tanımlanmalıdır (Assefa et al., 2019); (Labastida, Ingvarsson, & Rendón-Anaya, 2023); (Sharda et al., 2026).

Moleküler tekniklerdeki hızlı gelişme, fasulyede yüksek yoğunluklu tek nükleotid polimorfizmi (SNP) verileri, referans genomlar, RNA dizileme, proteom ve metabolit profilleri üretmeyi kolaylaştırmıştır. Bununla birlikte veri miktarı genetik kazançla eş anlamlı değildir. Yanlış veya zayıf fenotip, en gelişmiş genomik analizde dahi biyolojik olarak belirsiz ilişkiler üretir. Özellikle

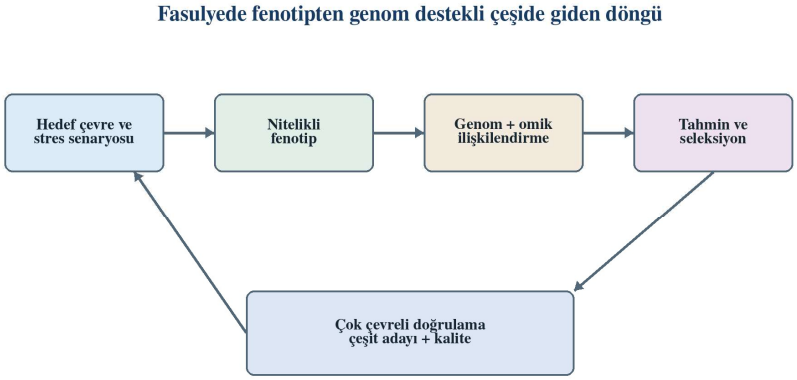
[1]Doç. Dr., Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Göksun Meslek Yüksekokulu, Bitkisel ve Hayvansal Üretim Bölümü, Organik Tarım Programı, Kahramanmaraş, Türkiye. ORCID: 0000-0001-5304-0231.

kuraklık gibi çevreyle güçlü etkileşen özelliklerde küçük etkili lokuslar, gen havuzu yapısı ve fenoloji karıştırıcı etkenlerdir. Labastida et al. (2023), fasulyede doğal varyasyonun değerini gösterirken kuraklık yanıtının çok genli ve çevre bağımlı yapısının basit gen–özellik eşleştirmesini güçleştirdiğini vurgulamıştır.

Fenotipleme, omik analizler ve genom destekli ıslah birbirini tamamlar. Fenotipten belirlenen aday lokuslar moleküler ve işlevsel analizlerle sınanmalı; doğrulanan bulgular bağımsız çevrelerde ıslah materyaline aktarılmalıdır.

Bu bölümde Phaseolus vulgaris çalışmaları temel alınmış; ilişkili Phaseolus türleri ve diğer bitkilerden elde edilen bulgular yalnızca destekleyici yöntemsel örnekler olarak değerlendirilmiştir.

Şekil 1. Hedef çevrenin tanımlanmasından çok çevreli çeşit doğrulamasına uzanan fenotip–genom–ıslah döngüsü.



Kaynak: Orijinal.

Hedef stres çevresinin tanımlanması

Kuraklık; stresin başladığı dönem, toprağın kuruma hızı, köklenebilir derinlik, sıcaklık ve atmosferik talebe göre farklı biyolojik problemler oluşturur. Saksıda ani sulama kesintisi, tarlada yavaş gelişen terminal kuraklığın tam karşılığı değildir. Benzer biçimde tuzluluk deneyinde verilen sodyum klorür (NaCl) dozu, kök bölgesindeki gerçek elektriksel iletkenlik, iyon bileşimi ve

uygulama hızını tek başına açıklamaz. Deney tanımı; başlangıç ve bitiş zamanı, toprak veya çözelti su potansiyeli, sıcaklık, bağıl nem, buhar basıncı açığı (VPD), gelişme evresi ve toparlanma dönemini içermelidir. Bu nedenle stres uygulamasının dozu kadar bitkinin gerçek su, sıcaklık ve iyon durumu da raporlanmalıdır (Assefa et al., 2019); (Labastida, Ingvarsson, & Rendón-Anaya, 2023).

Yüksek sıcaklık çalışmalarında günlük ortalama sıcaklık kritik ayrıntıları örtebilir. Gündüz sıcaklığı fotosentez ve yaprak enerji dengesini, gece sıcaklığı solunum ve üreme süreçlerini farklı biçimde etkiler. Isı dalgasının mikrosporogenez sırasında üç gün sürmesi ile tohum dolumunda iki hafta sürmesi aynı stres değildir. Genotiplerin çiçeklenme tarihleri farklıysa takvim günüyle uygulanan sıcaklık, her genotipi başka üreme evresinde yakalar. Fenoloji eşlemesi yapılmadığında ısı toleransı ile kaçış birbirine karışır. Fasulyede üreme dönemindeki yüksek gece ve gündüz sıcaklıklarının polen canlılığı, çiçek ve bakla tutumu ile tane verimini azalttığı; bu yanıtların genotipler arasında kalıtsal farklılık gösterdiği bildirilmiştir (Vargas, Mayor-Durán, Buendía, Ruiz-Guzmán, & Raatz, 2021); (Sharda et al., 2026).

Genotip × çevre × yönetim

Bir genotipin stres altında üstün olması, her çevrede üstün olacağı anlamına gelmez. And ve Mezoamerika gen havuzları alel frekansları, tohum tipi, gelişme ritmi ve çevresel uyum bakımından farklıdır. Popülasyon yapısı, genom çapında ilişkilendirme çalışması (GWAS) sonuçlarını etkiler; farklı gen havuzlarında aynı fenotip farklı alel birleşimleriyle oluşabilir. Bu nedenle keşif popülasyonu, hedef pazar sınıfı ve üretim çevresini temsil etmeli; önemli ilişkiler bağımsız popülasyonlarda doğrulanmalıdır (Assefa et al., 2019).

Sulama, ekim zamanı, bitki sıklığı ve toprak verimliliği genetik toleransın ortaya çıkışını etkiler. Bu nedenle stres denemelerinde yönetim uygulamaları standartlaştırılmalı ve hedef üretim çevresi temsil edilmelidir.

Deneme deseni ve örnekleme gücü

Fenotipleme ve omik çalışmalarında örnek büyüklüğü, kullanılacak teknolojiye göre değil test edilecek biyolojik hipoteze göre belirlenmelidir. Genotip, stres ve zaman faktörlerini içeren bir deneyde her yeni faktör etkileşim terimlerini artırır. Az sayıdaki biyolojik tekrarı çok sayıda teknik ölçümle çoğaltmak gerçek örnek sayısını yükseltmez. Aynı bitkiden alınan üç yaprak bağımsız biyolojik tekrar değildir; uygun analizde bitki veya parsel deney birimi olarak korunmalıdır. RNA dizileme çalışmalarında biyolojik tekrar, kütüphane kalitesi ve örnekleme zamanının birlikte planlanması güvenilir diferansiyel ifade analizi için temel koşuldur (Conesa et al., 2016).

Bloklama, stres gradyanının deney alanındaki yönüne göre yapılmalıdır. Sera bankı, büyüme odası rafı, sulama hattı ve tarla eğimi sistematik çevresel fark yaratabilir. Genotiplerin tamamen rastgele yerleştirilmesi bu farkı ortadan kaldırmaz; blok ve mekânsal koordinatlar kaydedilmelidir. Omik örnekler laboratuvar partilerine genotip ve uygulama dengeli dağılmalı, bütün kontrol örneklerinin bir gün ve stres örneklerinin başka gün işlenmesi önlenmelidir. Fenotipleme verisinin deney birimi, blok ve çevre bilgisiyle birlikte tanımlanması, farklı çalışmaların karşılaştırılabilirliğini de artırır (Papoutsoglou et al., 2020).

Örnek kimliği ve veri zinciri

Her ölçüm, uzun veri formatında genotip, çevre, blok, parsel, bitki, organ, gelişme evresi, ölçüm tarihi ve saati, kullanılan cihaz ve ölçümü gerçekleştiren kişi gibi bilgilerle ilişkilendirilebilir. Değişken adları ve ölçüm birimleri, oluşturulan veri sözlüğünde açıkça tanımlanmalıdır. Örneğin sıcaklık verisinin hava sıcaklığını mı yoksa yaprak sıcaklığını mı ifade ettiği ve ölçümün anlık değer mi yoksa günlük maksimum değer mi olduğu belirtilmelidir. Ölçüm birimlerinin ve eksik verileri tanımlayan kodların standartlaştırılması, genomik ve fenomik veri setlerinin doğru biçimde birleştirilmesini kolaylaştırır. Bitki Fenotipleme

Deneylerine İlişkin Asgari Bilgi Standardı (Minimum Information About a Plant Phenotyping Experiment, MIAPPE) 1.1, biyolojik materyal, yetiştirme koşulları, uygulamalar ve gözlem değişkenlerinin ortak bir veri yapısı içerisinde sistematik olarak tanımlanmasına olanak sağlamaktadır (Papoutsoglou et al., 2020).

Tablo 1. Fasulyede başlıca abiyotik stresler için fenotipleme senaryosunun asgari bileşenleri

Stres	Çevresel tanım	Kritik dönem	Öncelikli çıktı
Kuraklık	Toprak profil suyu, kuruma hızı, buhar basıncı açığı (VPD), sıcaklık	Çıkış, çiçeklenme, tohum dolumu	Su kullanımı, bakla/tane tutumu, verim
Yüksek sıcaklık	Gündüz–gece sıcaklığı, süre, yaprak/çiçek sıcaklığı	Mikrosporogenez, antesis, erken bakla	Polen işlevi, bakla tutumu, tane sayısı
Tuzluluk	Elektriksel iletkenlik, sodyum ve klorür iyonlarının bileşimi, uygulama hızı, toprak reaksiyonu (pH)	Çıkış ve vejetatif–üreme geçişi	İyon dengesi, biyokütle, verim
Düşük sıcaklık	Minimum sıcaklık, soğuma hızı, ışık ve süre	Çimlenme, fide, üreme öncesi	Canlılık, zar hasarı, toparlanma
Su baskını	Su yüksekliği, süre, sıcaklık, toprak oksijen düzeyi	Çıkış/fide ve çiçeklenme	Sağkalım, adventif kök, kök hastalığı
Besin kısıtı	Kullanılabilir fosfor, azot ve demir; pH ve toprak tamponlama	Erken kök ve nodül gelişimi	Kök mimarisi, nodül etkinliği, verim

Fenotipleme: genomik ilerlemenin ölçüm temeli

Birincil ve ikincil özellikler

Tane veya taze bakla verimi ıslahın birincil ölçütüdür; ancak stres altında çevresel varyansı yüksek ve ölçümü geç dönemde gerçekleşir. İkincil özellikler seçimi hızlandırabilir: taç sıcaklığı, stomatal iletkenlik, klorofil floresansı, kök derinliği, fotosentat remobilizasyonu, polen canlılığı, bakla tutumu ve hasat indeksi bunlar arasındadır. Bir ikincil özelliğin yararlı olması için hedef çevrede verimle genetik korelasyon göstermesi, yeterli kalıtıma sahip olması ve geniş materyalde ekonomik biçimde ölçülebilmesi gerekir. Dolayısıyla ikincil özellik, yalnız stresle değiştiği için değil hedef çevrede genetik kazancı artırdığı gösterildiğinde seleksiyon ölçütü olmalıdır (Assefa et al., 2019); (Labastida, Ingvarsson, & Rendón-Anaya, 2023).

Yüksek prolin veya antioksidan enzim aktivitesi ile yeşil kalma görünümü tek başına tolerans kanıtı değildir. Bu göstergeler, büyüme ve verim gibi işlevsel sonuçlarla birlikte yorumlanmalıdır.

Kök fenotiplemesi

Kök özellikleri kuraklık, fosfor kısıtı ve su baskınına uyumun merkezindedir. Kök açısı, derinlik, ince kök uzunluğu, lateral dallanma, kök saçak yoğunluğu, iletkenlik ve adventif kök oluşumu farklı kaynak erişim stratejilerini temsil eder. Toprak kolonları, rhizotronlar ve görüntüleme sistemleri kontrollü karşılaştırma sağlar; fakat sınırlı hacim, duvar etkisi ve homojen substrat tarla köklenmesini değiştirebilir. Kök fenotipi mümkün olduğunca toprak profili su/element dağılımı ve sürgün performansıyla eşlenmelidir. Fasulyede kuraklığa uyumun değerlendirilmesinde kök derinliği, kök dağılımı, fotosentatın köke ve baklaya yönlendirilmesi ile hasat indeksinin birlikte ele alınması önerilmiştir (Beebe, Rao, Blair, & Acosta-Gallegos, 2013).

Su baskınına yanıt yalnız sağkalım yüzdesiyle sınırlandırılamaz. Hipoksi süresince adventif kök gelişimi ve kök porozitesi; stres ilerledikçe klorofil kaybı; su çekildikten sonra ise büyümenin yeniden başlaması ve kök çürüklüğü belirtileri birlikte izlenmelidir. Soltani et al. (2017), Orta Amerika gen havuzuna ait çeşitlilik panelinde; Soltani et al. (2018) ise And kökenli materyalde su baskını toleransıyla ilişkili genom bölgeleri tanımlamıştır. Kontrollü koşullarda belirlenen bu yanıtların, hipoksiye kök patojenlerinin de eşlik ettiği tarla ortamında ayrıca doğrulanması gerekir.

Görüntüleme ve uzaktan algılama

Kırmızı-yeşil-mavi (RGB) görüntüler örtü oranı, bitki yüksekliği, yeşillik, çiçek ve bakla sayımı gibi özellikler için düşük maliyetli başlangıç sunar. Multispektral sensörler görünür ve yakın kızılötesi bantlardan bitki örtüsü indeksleri üretir; termal kameralar taç sıcaklığını, hiperspektral sistemler ise dar bantlardaki yansımayı

kullanarak pigment, su durumu ve stres imzalarını yakalayabilir. Kuru fasulyede küçük bir insansız hava aracı (İHA) ile multispektral görüntüleme, tarla parsellerinin yüksek verimli biçimde karakterize edilebileceğini göstermiştir (Sankaran et al., 2018).

Hiperspektral ölçüm, ortak fasulye ile sıcak-kurak çevrelere uyumlu tepary fasulyenin fizyolojik kuraklık yanıtlarını ayırma potansiyeli göstermiştir (Wong et al., 2023). Bu tür sonuçlar, yakın akraba türlerden tolerans aktarımında invazif olmayan taramayı destekler. Yine de yüksek boyutlu spektral veride örnek sayısının bant sayısından küçük olması aşırı uyum riskini büyütür; özellik seçimi ve dış doğrulama zorunludur.

Üreme ve nodül fenotiplemesi

Yüksek sıcaklık ve birleşik streslerde çiçek sayısı, polen canlılığı, stigma üzerinde çimlenme, döllenme, bakla tutumu ve tohum sayısı aşamalı olarak ölçülmelidir. Sadece hasat verimi zararın hangi basamakta oluştuğunu açıklamaz. Tomurcuk yaşı ve çiçeklenme zamanı kaydedilirse genotipler arasındaki fenolojik farklar düzeltilir. Üreme fenotipleri, sıcaklık toleransına ait aday lokusların biyolojik yorumunu güçlendirir.

Kuraklık ve besin kısıtı biyolojik azot fiksasyonunu hızla etkileyebilir. Nodül sayısı, nodül etkinliğiyle aynı değildir. Aktif nodül biyokütlesi, iç renk, bitki toplam azotu, üreid veya izotop temelli ölçümler ve nodül transkriptomu birlikte kullanıldığında tolerans mekanizması daha iyi anlaşılır. da Silva et al. (2024), iki fasulye genotipinde kuraklık altında nodül transkriptomunu inceleyerek biyolojik azot fiksasyonunun stres yanıtında dokuya özgü düzenlendiğini göstermiştir. Bu bölümde karşılaştırılan fenotipleme platformlarının güçlü ve sınırlı yönleri Tablo 2'de verilmiştir.

Tablo 2. Fenotipleme platformlarının güçlü ve sınırlı yönleri

Platform	Güçlü yön	Başlıca sınırlılık	Islah kullanımı
Saksı/iklim odası	Tekrarlanabilir stres, ayrıntılı fizyoloji	Kök hacmi ve mikroiklim tarla dışı	Mekanizma ve erken eleme
Yağmur korunağı	Tarla ışığı altında su kontrolü	Kenar ve yapı mikroiklimi	Kuraklık senaryosu ve doğrulama
Çok çevreli tarla	Gerçek genotip × çevre × yıl etkileşimi ve verim kararlılığı	Stres dozu kontrolü düşük, maliyetli	Çeşit kararı ve hedef çevre
RGB/termal İHA	Hızlı, tekrarlı, parsel ölçeğinde	Kalibrasyon ve hava koşulu etkisi	Taç gelişimi, sıcaklık, olgunluk
Multispektral/hiperspektral	Erken ve çok boyutlu stres sinyali	Maliyet, yüksek boyut ve aktarım sorunu	İkincil özellik ve spektral imza
Kök görüntüleme	Mimariyi dinamik izleme	Toprak ve hacim artefaktı	Kök ideotipi ve aday ebeveyn

Genomik kaynaklar ve genetik mimarinin çözülmesi

Referans genom, varyant ve popülasyon yapısı

Fasulyenin referans genomunun yayımlanması, bağlantı haritalarından genom çapında analizlere geçişi hızlandırmış ve And–Mezoamerika gen havuzlarının karşılaştırılması için ortak bir koordinat sistemi sağlamıştır (Schmutz et al., 2014). Bununla birlikte tek referansa dayalı varyant çağırma, uzak haplotipleri, varlık/yokluk varyantlarını ve yapısal çeşitliliği eksik temsil edebilir. Beş yüksek kaliteli genom ve 339 genotipten oluşturulan ortak fasulye pan-genomu, referans dizide bulunmayan önemli miktarda dizi ve gen içeriği ortaya koymuştur (Cortinovis et al., 2024). Bu nedenle pan-genom ve çoklu referans yaklaşımları, özellikle yabani akraba veya tepary kökenli introgresyonların analizinde kayıp varyasyonu azaltma potansiyeli taşır.

Nicel özellik lokusu (QTL) haritalaması

İki ebeveynli QTL yaklaşımı, zıt ebeveynlerden gelen alellerin ayrışmasını izleyerek stres yanıtını belirli kromozom

bölgelerine bağlar. Tekrarlı homozigot hatlar aynı genotipin çevreler arasında yeniden sınanmasına imkân verse de analiz, başlangıçtaki iki ebeveynde bulunan çeşitlilikle sınırlıdır ve çözünürlük gerçekleşen rekombinasyon sayısına bağlıdır. Mukeshimana et al. (2014) kuraklık toleransıyla ilişkili QTL'leri tanımlarken, Berny Mier y Teran et al. (2019) bakla içindeki fotosentat paylaşımı ve yeniden taşınmanın genetik mimarisini ayrıntılandırmıştır. Bu bulgular, bakla sayısı, hasat indeksi, kök sistemi ve asimilat dağılımının aynı tolerans başlığı altında farklı genetik bileşenler taşıdığını göstermektedir; küçük ve çevreye duyarlı etkiler doğrulanmadan doğrudan markör seleksiyonuna aktarılmamalıdır.

GWAS ve çevre ilişkilendirmesi

Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları, çeşitlilik panellerinde birikmiş tarihsel rekombinasyondan yararlanarak iki ebeveynli haritalamaya göre daha dar aday bölgeler üretebilir. Hoyos-Villegas et al. (2017) kuraklığa bağlı özellikleri bir ortak fasulye panelinde incelemiş, Mutari et al. (2023) ise kuru fasulyede kuraklık bileşenleri için ilişkilendirme haritası oluşturmuştur. Panellerin gen havuzu ve özellik tanımları aynı olmadığından, iki çalışmada bildirilen sinyaller tek bir evrensel lokus listesi gibi yorumlanmamalıdır. Popülasyon yapısı ile akrabalık uygun modellenmeli; nadir alellerdeki düşük istatistiksel güç dikkate alınmalı ve keşif panelindeki SNP-haplotip etkisi bağımsız materyalde doğrulanmadan seleksiyon kararına dönüştürülmemelidir.

Genom–çevre ilişkilendirmesi, gen bankası materyalinin toplandığı yerin iklim değişkenleriyle alel frekanslarını eşler. Fasulyede ısı uyumuna ilişkin çalışmalar, doğal çevre gradyanlarının aday bölgeleri daraltabileceğini göstermiştir (López-Hernández & Cortés, 2019). Bununla birlikte toplama koordinatındaki güncel iklim, materyalin seçildiği tarihsel çevreyi veya çiftçi yönetimini tam temsil etmeyebilir. Bu analiz hipotez üretir; kontrollü sıcaklık ve tarla doğrulamasının yerini almaz.

Tuzluluk, su baskını ve besin kısıtı örnekleri

Tuz toleransı, çimlenme ve fide döneminde hızlı taranabilse de bu sıralama üreme dönemine her zaman taşınmaz. Raggi et al. (2024), 192 homozigot genotipten oluşan çeşitlilik panelini fide döneminde tarayarak tuz yanıtının genetik temelini araştırmıştır. Bu tür paneller aday lokus ve ebeveyn sağlar; fakat farklı iyon bileşimi, toprak ortamı ve tane verimiyle doğrulama gerekir. Yalnız sürgün kuru ağırlığı, iyon dışlama ile doku toleransını ayırmaz.

Su baskınında hem kontrollü çapraz popülasyonlar hem çeşitlilik panelleri kullanılmıştır. Soltani et al. (2017, 2018), toleransın çimlenme/fide performansı, sağkalım ve toparlanma gibi bileşenlere ayrılabileceğini göstermiştir. Ortak lokusların farklı genetik arka planlarda doğrulanması, markör geliştirme açısından önemlidir. Ancak tarla su baskınında sıcaklık ve kök patojenleri eşlik ettiğinden steril veya kısa süreli kontrollü testler tek başına yeterli değildir. Bu örneklerde üretilen kanıtın düzeyi ve rutin ıslaha geçiş koşulları Tablo 3'te karşılaştırılmıştır.

Besin elementi kısıtında erken kök büyümesi, kök saçakları, nodül etkinliği ve tane verimi aynı biyolojik zincirin farklı basamaklarıdır. Fasulyede düşük fosfor ve kuraklık gibi stres çevrelerinde agronomik özelliklerin genomik tahmini, yoğun markör bilgisinin poligenik yanıtı yakalayabildiğini göstermiştir (Keller et al., 2020). Ancak düşük fosfor altında fide kök mimarisi veya nodül sayısındaki üstünlük, çok çevreli tane verimi doğrulaması olmadan besin kullanım etkinliği olarak adlandırılmamalıdır.

Tablo 3. Genom destekli analizlerin kanıt düzeyi ve ıslaha geçiş koşulu

Yaklaşım	Ürettiği kanıt	Temel yanlılık	Islaha geçiş için gereken
İki ebeveynli QTL	Ayrışan ebeveyn aleliyle bağlantılı bölge	Sınırlı alel ve geniş güven aralığı	Çok çevre, ince harita, yakın markör
GWAS	Doğal çeşitlilikte markör–fenotip ilişkisi	Popülasyon yapısı, nadir alel gücü	Bağımsız panel ve haplotip doğrulaması
Genom–çevre ilişkisi	Coğrafi uyumla ilişkili alel/bölge	Tarihsel çevre ve yönetim belirsizliği	Deneysel stres fenotipi
Aday gen ifadesi	Belirli doku/zamanda stresle değişen RNA	Korelasyon; doku ve zaman bağımlılığı	Mutant/aşırı ifade veya alel testi
Genomik tahmin	Tüm markörlerden ıslah değeri tahmini	Eğitim–hedef uyumsuzluğu	İleriye dönük çevre/popülasyon testi

Omik teknolojilerinin katkısı

Transkriptomik

RNA dizileme, stres altında hangi genlerin ne ölçüde ifade edildiğini ve alternatif transkriptleri ortaya koyar. Diferansiyel ifade analizi; örnekleme zamanı, doku, biyolojik tekrar, kütüphane derinliği ve normalizasyona duyarlıdır. Yaprak örneği kök, nodül, anter veya genç baklanın yanıtını temsil etmez. Stresin erken sinyal dönemi ile ileri hasar dönemi farklı gen kümeleri üretir. Bu nedenle zaman serisi ve dokuya özgü tasarım, tek bir son nokta karşılaştırmasından daha açıklayıcıdır.

Fasulyede su açığı altında genom çapında ifade değişimleri, genotiplerin ortak ve farklı yanıt yollarını göstermiştir (Jorge et al., 2020). Nodül RNA-seq çalışması ise kuraklığın biyolojik azot fiksasyonu üzerindeki etkisini yaprak bulgularından ayrı bir organ düzeyinde çözmüştür (da Silva et al., 2024). Bu çalışmalar aday gen ve yol üretir; fakat ifade değişimi nedensellik değildir. İlgili alelin fenotip etkisi, bağımsız genotipler ve işlevsel deneylerle sınanmalıdır.

Isı şoku transkripsiyon faktörleri, sıcaklık yanıtında güçlü adaylardır. Fasulye genomunda ısı şoku transkripsiyon faktörü (Hsf) ailesinin tanımlanması ve stres altındaki ifade örüntülerinin incelenmesi, düzenleyici genlerin adaylaştırılmasını sağlamıştır (Zhang et al., 2022). Yine de bir gen ailesinin anotasyonu veya stresle indüklenmesi, çeşit geliştirmeye hazır hedef anlamına gelmez. Aile üyeleri yedekli işlev gösterebilir; aynı gen gelişme ve verim üzerinde pleiotropik etki yapabilir.

Küçük RNA, epigenom ve düzenleyici katman

MikroRNA'lar hedef haberci RNA (mRNA) moleküllerinin parçalanması veya translasyonunun baskılanması yoluyla stres yanıtını düzenler. Fasulyede kuraklıkla ilişkili mikroRNA'ların belirlenmesi, transkripsiyon sonrası kontrolün aday gen ağlarına eklenmesini sağlamıştır (Wu, Wang, & Wang, 2017). Küçük RNA analizi hedef tahminine dayanıyorsa yanlış pozitifler yüksektir; degradom veya ifade doğrulaması hedef–mikroRNA ilişkisini güçlendirir.

Deoksiribonükleik asit (DNA) metilasyonu, histon işaretleri ve kromatin erişilebilirliği, gen ifadesinin çevreye duyarlı katmanlarıdır. Bununla birlikte ortak fasulyede abiyotik stres epigenomu ve nesiller arası stres hafızasına ilişkin doğrudan kanıt, transkriptomik kanıta göre çok daha sınırlıdır. Bu nedenle diğer bitkilerde tanımlanan epigenetik mekanizmalar fasulyede doğrulanmış tolerans mekanizması gibi sunulmamalıdır. Bir bitkide gözlenen epigenetik değişimin nesiller boyunca kalıtsal, genotipten bağımsız ve verim açısından yararlı olduğu ayrıca gösterilmelidir; doku bileşimi ve gelişme evresi de epigenom profilini değiştirebilir.

Proteomik

Protein bolluğu RNA düzeyiyle her zaman paralel değildir. Translasyon hızı, protein yıkımı, hücre içi konum ve fosforilasyon gibi translasyon sonrası değişiklikler (PTM) işlevi belirler. Proteomik; fotosentez, enerji metabolizması, redoks savunması,

protein katlanması ve hücre duvarı süreçlerindeki değişimleri doğrudan protein düzeyinde inceleme olanağı verir. Subramani et al. (2024), kuraklığa zıt yanıt veren fasulye genotiplerinde proteomik farklılıkları karşılaştırarak tolerans mekanizmalarının protein düzeyindeki çeşitliliğini göstermiştir.

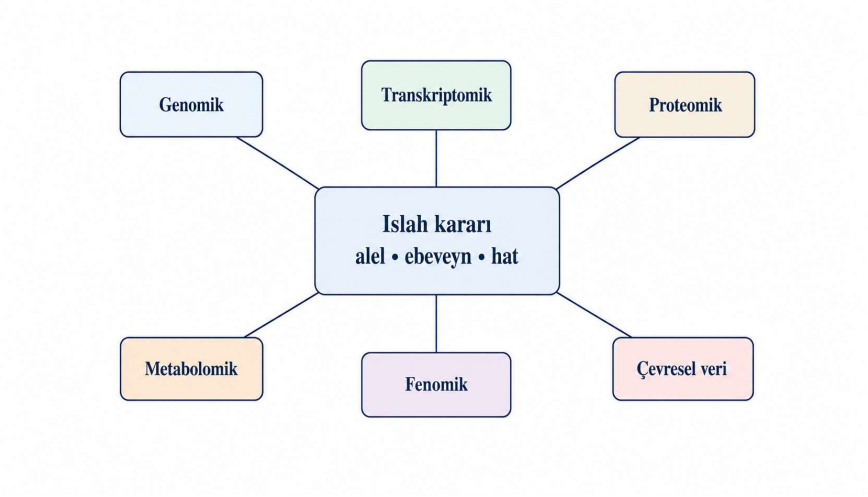
Metabolomik ve iyonomik

Metabolitler gen ifadesi ile fizyolojik sonuç arasındaki en yakın katmanlardan biridir. Şekerler, amino asitler, organik asitler, fenilpropanoidler, hormonlar ve lipitler stres şiddeti ile örnekleme saatine hızla yanıt verir. Hedeflenmemiş metabolomik geniş keşif sunar; hedefli analiz belirli bileşiklerin güvenilir niceliğini sağlar. Kimliği doğrulanmamış spektral özelliklerin biyolojik adla raporlanması önemli bir hata kaynağıdır.

Tuz stresi altında iki zıt fasulye genotipinin transkriptom, metabolom ve iyonomunun karşılaştırılması; gen, metabolit ve iyon akışlarının birlikte değerlendirilmesinin tolerans yollarını daha iyi ayırabildiğini göstermiştir (Niron, Barlas, Salih, & Türet, 2020). Sprout döneminde tuz stresine yanıtın transkriptom–metabolom bütünleşmesi de dinamik düzenleyici ağlar önermiştir (Zhang et al., 2023). Ancak fide/sprout bulgularının tarla ve üreme dönemine doğrudan taşınmaması gerekir.

Soğuk stresinde entegre transkriptom ve metabolom analizleri; şeker, amino asit, flavonoid ve hormon yollarının genotipe özgü düzenlendiğini bildirmiştir (Yang et al., 2023); (Tang et al., 2025). İki çalışmanın aynı yolu göstermesi kanıtı güçlendirir, fakat kullanılan doku, sıcaklık dozu ve genotipler farklıysa sonuçlar meta-analitik dikkatle birleştirilmelidir. En yararlı adaylar, farklı deneylerde yönü tutarlı olan ve fenotiple nedensel ilişki kurabilenlerdir. Şekil 2 veri katmanlarının ıslah kararında nasıl bağlandığını, Tablo 4 ise her omik katmanın ürettiği kanıtı ve gerekli doğrulamayı göstermektedir.

Şekil 2. Genomik, omik, fenomik ve çevresel veri katmanlarının ıslah kararında bütünleştirilmesi.



Kaynak: Orijinal.

Tablo 4. Omik katmanların temel sorusu, çıktısı ve doğrulama gereksinimi

Katman	Temel soru	Tipik çıktı	Doğrulama
Genomik	Hangi kalıtsal varyant bulunuyor?	Tek nükleotid polimorfizmi (SNP), ekleme/silme varyantı, yapısal varyant, haplotip	Genotipleme ve segregasyon
Transkriptomik	Hangi RNA nerede/ne zaman değişiyor?	Diferansiyel ifade edilen gen, izoform, ağ ve transkripsiyon faktörü adayı	Nicel polimeraz zincir reaksiyonu, zaman/doku ve işlev testi
Proteomik	Hangi protein ve modifikasyon değişiyor?	Protein bolluğu, translasyon sonrası değişiklik ve yol	Hedefli kütle spektrometrisi veya antikor analizi ve enzim işlevi
Metabolomik	Fizyolojik sonuca yakın hangi bileşik değişiyor?	Metabolit özelliği ve yol	Standart bileşikle hedefli nicelik
İyonomik	Element/iyon dengesi nasıl değişiyor?	Sodyum, potasyum, fosfor, demir vb. profili	Doku, akış ve verim ilişkisi
Epigenomik	Gen düzenleme ortamla nasıl değişiyor?	Metilasyon, kromatin erişimi	Kalıtım, doku ve ifade doğrulaması

Çoklu omik bütünleştirme: listeden biyolojik modele

Çoklu omik yaklaşımın amacı, farklı platformlardan uzun aday listelerini yan yana koymak değildir. Aynı biyolojik örnekten veya karşılaştırılabilir örneklerden elde edilen katmanların ortak deney tasarımı, fenotip ve çevresel zaman serisiyle ilişkilendirilmesi gerekir. Gen ifadesi ile metabolit bolluğu arasında gecikme olabileceğinden eşzamanlı korelasyon her ilişkiyi yakalamaz. Zaman gecikmeli ağlar ve yol temelli modeller biyolojik açıdan daha anlamlı olabilir. Çoklu katmanların aynı örnekler, uyumlu deney birimleri ve açık zaman bilgisiyle eşlenmesi, biyolojik yorumun temelidir (Conesa et al., 2016); (Papoutsoglou et al., 2020).

Adaylar; tekrarlanan QTL/GWAS bulguları, dokuya özgü ifade, protein ve metabolit desteği, biyolojik işlev ve bağımsız doğrulama düzeyine göre önceliklendirilmelidir.

Genom destekli ıslah araçları

Markör destekli seleksiyon ve geri melezleme

Markör destekli seleksiyon, büyük etkili ve hedef popülasyonda geçerli aleller için en etkilidir. Donör alel geri melezlemeyle elit çeşide aktarılırken hedef lokus, rekombinant seçim ve genom arka planı markörlerle izlenebilir. Abiyotik stres toleransında küçük etkili çok sayıda lokus ve çevre etkileşimi bulunduğundan tek markör yaklaşımı çoğu zaman yetersizdir. Kararlı QTL'ler kalite, hastalık direnci ve fenolojiyle birlikte piramitlenmelidir (Assefa et al., 2019).

Markörün fiziksel olarak QTL'ye yakın olması farklı genetik arka planda tahmin gücünü garanti etmez. İşaretleyici ile nedensel alel arasındaki bağlantı dengesi popülasyonlar arasında değişebilir. Bu yüzden markör önce hedef ebeveyn ve ıslah popülasyonunda polimorfizm, alel etkisi ve hata oranı bakımından doğrulanmalıdır. Kullanılabilir test; yalnız bilimsel olarak anlamlı değil, düşük maliyetli, yüksek çağrı oranlı ve laboratuvar iş akışına uygun olmalıdır.

Genomik seleksiyon

Genomik seleksiyon, bütün genomdaki markörleri birlikte kullanarak her bireyin genomik ıslah değerini tahmin eder. Büyük etkili QTL aramak yerine küçük etkilerin toplamını yakalamayı amaçladığı için kuraklık verimi gibi karmaşık özelliklerde potansiyel taşır. Fasulyede agronomik özellikler için yapılan çalışmalar, uygun eğitim popülasyonu ve modelle genomik tahminin seleksiyon çevrimini kısaltabileceğini göstermiştir (Keller et al., 2020).

Tahmin doğruluğu eğitim popülasyonunun büyüklüğü, kalıtım, markör yoğunluğu, akrabalık, çevre sayısı ve hedef

adaylarla genetik yakınlığa bağlıdır. Rastgele çapraz doğrulama, yakın akrabalar eğitim ve test kümelerine dağıldığında gerçek ıslah senaryosundan daha iyimser sonuç verir. Yıl, lokasyon veya aileyi dışarıda bırakan çapraz doğrulama; yeni çevre ve yeni çaprazları daha dürüst biçimde sınar. Model karşılaştırmasında çapraz doğrulama düzeni gerçek seleksiyon problemini temsil etmeli ve doğruluk farkı beklenen genetik kazanç bakımından da değerlendirilmelidir (Schrauf, de los Campos, & Munilla, 2021).

Fenomik ve omik destekli tahmin

İHA, spektral ölçüm veya erken dönem fizyolojik özellikleri genomik tahmine ikincil veri olarak eklemek doğruluğu artırabilir. Bu yaklaşım, pahalı hasat fenotipinin daha az parselde ölçülmesi veya erken seleksiyon yapılması için yararlıdır. Fenomik verinin eğitim ve aday setinde aynı protokolle toplanması gerekir. Sensör veya tarih değişimi "parti etkisi (batch effect)" oluşturabilir ve model genetik sinyal yerine cihaz farkını öğrenebilir. Fenomik ve omik verinin aynı aday üzerinde birlikte kullanıldığı modellerde maliyet, örnekleme zamanı ve dış doğrulama kazançla birlikte değerlendirilmelidir (Wang et al., 2023).

Tablo 5. Genom destekli ıslah araçlarının uygun kullanım alanları

Araç	En uygun genetik yapı	Başlıca kazanım	Karar öncesi kontrol
Markör destekli seleksiyon	Büyük ve kararlı etkili lokus	Erken ve düşük maliyetli alel seçimi	Hedef popülasyonda markör–alel bağı
Markör destekli geri melezleme	Tek/az sayıda donör aleli	Elit arka planın hızlı geri kazanımı	Bağlantı yükü ve arka plan oranı
QTL piramitleme	Tamamlayıcı doğrulanmış lokuslar	Çok özellik veya mekanizma birleştirme	Epistaz ve kalite/uyum ödünleşmesi
Genomik seleksiyon	Çok sayıda küçük etkili lokus	Çevrim süresi ve seçim yoğunluğu	İleriye dönük doğruluk ve eğitim yakınlığı
Fenomik tahmin	Sensör özelliği verimle ilişkili	Erken ve tekrarlı seçme	Cihaz/tarih aktarımı ve dış doğrulama
Gen düzenleme	İşlevi bilinen hedef gen/alel	Hassas değişiklik ve işlev testi	Rejenerasyon, pleiotropi, mevzuat

Gen düzenleme ve işlevsel doğrulama

Düzenli aralıklarla kümelenmiş kısa palindromik tekrarlar (CRISPR) ve CRISPR ile ilişkili proteinler (Cas) temelli araçlar bir genin işlevini ortadan kaldırmakla sınırlı değildir; promotör düzeyinde ayar, belirli bir alelin değiştirilmesi ve birden çok hedefin birlikte düzenlenmesi için de kullanılabilir. Absisik asit sinyalinin bileşenleri, stoma hareketini yöneten genler, iyon taşıyıcıları, ısı şoku yanıtı ve transkripsiyon faktörleri abiyotik stres bakımından başlıca aday gruplarıdır. Li et al. (2022) farklı ürünlerde stres toleransına yönelik genom düzenleme uygulamalarını derlemiş; Cevher-Keskin et al. (2023) CRISPR/Cas9'un hastalık direnci ve abiyotik stres bağlamındaki gelişimini değerlendirmiştir. Bu geniş ürün kanıtı fasulyede hedef seçimine başlangıç sağlayabilir, fakat doğrudan fasulye doğrulamasının yerine geçmez. Genetik arka plan, gen ailesindeki işlevsel yedeklilik, gelişme evresi ve stres senaryosu düzenleme sonucunu değiştirebilir.

Fasulyede temel teknik engel, genotipe bağımlı transformasyon ile fertil bitki rejenerasyonudur. Ortak fasulye, bazı ilişkili Phaseolus türlerine göre daha düşük rejenerasyon potansiyeli

gösterir; bu sınırlılık genom düzenlemenin rutin çeşit geliştirmeye aktarılmasını güçleştirir (Cardi, D'Agostino, & Tripodi, 2017). Baklagillerde düşük transformasyon etkinliği ve doku kültürü bağımlılığı güncel genom düzenleme uygulamalarının ortak darboğazıdır (Nivya & Shah, 2023). Geçici ifade veya saçak kök sistemleri aday gen işlevini sınamayı kolaylaştırabilir; ancak kalıtsal çeşit geliştirme için düzenlenmiş hücreden fertil bitki ve doğrulanmış nesil elde edilmesi gerekir. Fasulyede Rhizobium rhizogenes aracılı saçak kök sistemi, CRISPR/Cas9 kılavuz RNA ve promotör etkinliğini kararlı transformasyondan önce sınamak için uygulanmış; buna karşılık kararlı transformasyonun hâlâ zaman alıcı ve genotipe bağımlı olduğu gösterilmiştir (de Koning et al., 2023).

Gen düzenleme yalnız çeşit üretme aracı değildir; QTL/GWAS ve omik veriden çıkan adayların nedenselliğini sınamak için de kullanılabilir. Bir adayın düzenlenmesi fenotipi beklenen yönde değiştiriyorsa kanıt güçlenir. Tamamlayıcı hat, farklı alel veya bağımsız düzenleme olayıyla sonuç doğrulanmalıdır. Hedef dışı değişiklik (off-target) taraması kadar doku kültürü sırasında oluşan somaklonal varyasyon da dikkate alınmalıdır. Rutin ıslaha geçişte hedef dışı değişiklikler, somaklonal varyasyon, biyogüvenlik ve ülkeye özgü mevzuat ayrıca değerlendirilmelidir.

Veri analizi, makine öğrenmesi ve tekrarlanabilirlik

Fenomik ve omik veri yüksek boyutlu olduğundan makine öğrenmesi giderek daha fazla kullanılmaktadır. Rastgele orman, gradyan artırma (gradient boosting), destek vektör makineleri ve sinir ağları doğrusal olmayan ilişkileri yakalayabilir. Ancak karmaşık modelin basit karışık model, genomik en iyi doğrusal yansız tahmin (GBLUP) veya ridge regresyonuna dayalı en iyi doğrusal yansız tahmin (rrBLUP) modellerinden daha iyi olacağı garanti değildir. Altı bitki türü ve 18 özelliği kapsayan karşılaştırmada tek bir algoritma her veri setinde üstün olmamış, yapay sinir ağları hiçbir özellikte en iyi yöntem olarak öne çıkmamıştır (Azodi et al., 2019). Dolayısıyla model seçimi moda

değil, hedef seleksiyon senaryosundaki ileriye dönük performansa dayanmalıdır.

Veri bölme stratejisi analiz sonucunun merkezindedir. Aynı genotipin tekrarları hem eğitim hem test kümesinde bulunursa model genotip kimliğini öğrenebilir. Aynı uçuş veya laboratuvar partisine ait örneklerin iki kümeye dağılması teknik sinyali çoğaltır. Çapraz doğrulama birimi, gerçek kullanım senaryosuna uygun olarak genotip, aile, lokasyon, yıl veya deney olmalıdır. Dış test kümesi yalnız model geliştirme tamamlandıktan sonra bir kez kullanılmalıdır. Aday modellerin aynı katmanlarda eşleştirilmiş çapraz doğrulamayla karşılaştırılması, küçük doğruluk farklarının tesadüfi bölünmeden kaynaklanma riskini azaltır (Schrauf, de los Campos, & Munilla, 2021).

Açıklanabilir yapay zekâ, modelin hangi spektral bant, SNP veya fizyolojik özelliği kullandığını incelemeye yardım eder. Shapley toplamsal açıklamaları (SHAP), özellik önemleri ve dikkat haritaları biyolojik hipotez üretir; nedensellik kanıtı değildir. Özellik öneminin korelasyonlu değişkenler arasında keyfî dağılabileceği ve görüntü modelinin hastalık/stres yerine arka planı öğrenebileceği unutulmamalıdır. Açıklama, bağımsız deneyle test edilebilir biyolojik soruya çevrilmelidir. Bitki ıslahında SHAP tabanlı açıklamaların aday SNP veya bölge önerebildiği gösterilmiş olsa da küçük veri seti ve dış doğrulama eksikliği biyolojik genellemeyi sınırlar (Novielli et al., 2024).

Islah programı için bütünleşik uygulama modeli

İlk adım hedef ürün profilidir: pazar sınıfı, tane veya taze tüketim biçimi, büyüme şekli, olgunlaşma süresi, hastalık paketi, hedef stres ve kabul edilebilir kalite sınırları tanımlanır. İkinci adım, hedef çevrenin su–sıcaklık–toprak senaryolarıyla sınıflandırılmasıdır. Üçüncü adımda genetik materyal, bu senaryoları temsil eden kontrollü ve tarla platformlarında fenotiplenir. Moleküler veri, fenotip tasarımından önce değil onunla birlikte planlanır.

Keşif aşamasında geniş çeşitlilik paneli, zıt ebeveynler ve gerekirse P. acutifolius gibi ilişkili türler kullanılır. QTL/GWAS, transkriptom ve metabolom aynı özelliğe ait adayları daraltabilir. Ön ıslah, yararlı aleli elit arka plana taşırken bağlantı yükünü azaltır. Büyük etkili lokuslar markörle, poligenik değer genomik seleksiyonla izlenebilir. Her aşamada tane kalitesi ve fenoloji korunur.

Doğrulama aşaması bağımsız materyal ve çevre gerektirir. Aday lokus, biyobelirteç veya model ilk geliştirildiği popülasyonda yüksek performans gösterebilir; fakat başka gen havuzu, yıl veya stres şiddetinde etkisini kaybedebilir. İleriye dönük doğrulama, geriye dönük yüksek uyumdan daha değerlidir. Islah kararında yalnız P değeri veya R^2 değil beklenen genetik kazanç, maliyet, çevrim süresi ve hata maliyeti kullanılır.

Islahın son aşamasında stres toleransı; pişme kalitesi, tane görünümü, hastalık direnci, olgunlaşma ve üretici gereksinimleriyle birlikte değerlendirilmelidir.

Türkiye için önerilen araştırma öncelikleri

Türkiye için kurulacak bir fasulye fenotipleme ağı, lokasyonları yalnız idari sınırlara göre değil gözlenen stres örüntülerine göre seçmelidir. Önerilen sınıflamada yüksek rakımlı ve kısa sezonlu çevrelerde düşük sıcaklık, geç don ve fenolojik uyum; sıcak ve kısıtlı sulanan üretim alanlarında ise üreme dönemi sıcaklığı, yüksek VPD ve su kısıtı ayrı hedef senaryolar olarak ele alınabilir. Göksun gibi yüksek rakımlı bir çevre bu ağda soğuk–kısa sezon bileşenini temsil edebilir; ancak temsil gücü uzun yıllı meteorolojik veri ve bitki düzeyindeki stres ölçümleriyle doğrulanmalıdır.

Yerel fasulye popülasyonları adaptasyon ve kalite alelleri bakımından değerli adaylardır; ancak uzun süredir bir bölgede yetiştirilmeleri her stres için tolerans kanıtı değildir. Popülasyon içi heterojenlik korunarak çekirdek örnekler oluşturulmalı, tohum tipi ve çiftçi kullanım bilgisi kayıt altına alınmalıdır. Elit çeşitler, yerel

materyal ve uluslararası stres donörleri aynı standart protokolde karşılaştırılmalı; üstünlük kontrollü ortam, hedef çevre ve tane verimi basamaklarında ayrı ayrı doğrulanmalıdır.

Bir bulgunun ıslah teknolojisine dönüşme basamakları

Tek deneyde ifade değişimi gösteren bir gen, doğrulanmış ıslah markörü değildir. Keşif bulguları bağımsız genotip ve çevrelerde doğrulanmalı, rutin seleksiyondan önce öngörü gücü sınanmalıdır.

Tablo 6. Fenotipik veya moleküler bir bulgunun rutin ıslah aracına dönüşme ölçütleri

Olgunluk basamağı	Gerekli kanıt	Başlıca karar
1. Keşif	Tek popülasyon/deneyde ilişki veya ifade farkı	Aday takip edilmeye değer mi?
2. Tekrarlama	Bağımsız deneyde aynı yön ve yeterli etki	Bulguyu teknik artefakttan ayırıyor mu?
3. Biyolojik doğrulama	Fizyolojik yol, alel ve mümkünse işlev testi	Nedensel veya güvenilir bağlı sinyal mi?
4. Hedef popülasyon testi	Pazar sınıfı ve genetik arka planda ayrım	Islah materyaline aktarılabilir mi?
5. Çok çevreli doğrulama	Yıl/lokasyon/stres senaryosunda kararlılık	Hangi hedef çevrede kullanılmalı?
6. Rutin kullanım	Maliyet, süre, kalite kontrol ve genetik kazanç	Fenotip veya mevcut iş akışından üstün mü?

Sonuç ve gelecek perspektifi

Fasulyede abiyotik stres toleransının geliştirilmesinde temel koşul, hedef çevreyi temsil eden güvenilir fenotip verisidir. Moleküler bulgular, tekrarlı ve iyi tasarlanmış stres denemeleriyle ilişkilendirilmelidir.

QTL ve GWAS bölgeleri omik verilerle daraltılabilir; ancak moleküler birliktelik nedensellik kanıtı değildir. Adayların bağımsız popülasyonlarda ve işlevsel deneylerde doğrulanması gerekir.

Büyük etkili lokuslar için markör destekli seleksiyon, poligenik özellikler için genomik seleksiyon, adayların işlevsel sınanması için gen düzenleme uygundur. Yöntem seçimi hedef özellik ve uygulama kapasitesine bağlıdır.

Gelecekte sensör temelli fenotipleme, çevresel zaman serileri, haplotip bilgisi ve omik katmanların birlikte analizi fasulye ıslahını güçlendirebilir; ancak başarısı bağımsız saha doğrulamasına bağlıdır.

Kaynakça

Assefa, T., Assibi Mahama, A., Brown, A., Cannon, E., Rubyogo, J., Rao, I., . . . Cannon, S. (2019). A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (Phaseolus vulgaris L.). *Molecular Breeding, 39, 20.* https://doi.org/10.1007/s11032-018-0920-0

Azodi, C., Bolger, E., McCarren, A., Roantree, M., de Los Campos, G., & Shiu, S.-H. (2019). Benchmarking parametric and machine learning models for genomic prediction of complex traits. *G3: Genes|Genomes|Genetics, 9*(11), 3691–3702. https://doi.org/10.1534/g3.119.400498

Beebe, S., Rao, I., Blair, M., & Acosta-Gallegos, J. (2013). Phenotyping common beans for adaptation to drought. *Frontiers in Physiology, 4*, 35. https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00035

Berny Mier y Teran, J., Konzen, E., Palkovic, A., Tsai, S., Rao, I., Beebe, S., & Gepts, P. (2019). Effect of drought stress on the genetic architecture of photosynthate allocation and remobilization in pods of common bean. *BMC Plant Biology, 19*, 171. https://doi.org/10.1186/s12870-019-1774-2

Cardi, T., D'Agostino, N., & Tripodi, P. (2017). Genetic transformation and genomic resources for next-generation precise genome engineering in vegetable crops. *Frontiers in Plant Science, 8*, 241. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00241

Cevher-Keskin, B., Bilir, Ö., Hong, Y., & Tör, M. (2023). Recent developments in CRISPR/Cas9 genome-editing technology related to plant disease resistance and abiotic stress tolerance. *Biology, 12*(7), 1037. https://doi.org/10.3390/biology12071037

Conesa, A., Madrigal, P., Tarazona, S., Gomez-Cabrero, D., Cervera, A., McPherson, A., . . . Mortazavi, A. (2016). A survey of best practices for RNA-seq data analysis. *Genome Biology, 17*, 13. https://doi.org/10.1186/s13059-016-0881-8

Cortinovis, G., Vincenzi, L., Anderson, R., Marturano, G., Marsh, J., Bayer, P., . . . Papa, R. (2024). Adaptive gene loss in the common bean pan-genome during range expansion and domestication. *Nature Communications, 15*, 6698. https://doi.org/10.1038/s41467-024-51032-2

da Silva, H., Caetano, V., Pessôa, D., Pacheco, R., Meneses, C., & Simões-Araújo, J. (2024). Unraveling the drought-responsive transcriptomes in nodules of two common bean genotypes during biological nitrogen fixation. *Frontiers in Plant Science, 15*, 1345379. https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1345379

de Koning, R., Daryanavard, H., Garmyn, J., Kiekens, R., Toili, M., & Angenon, G. (2023). Fine-tuning CRISPR/Cas9 gene editing in common bean (Phaseolus vulgaris L.) using a hairy root transformation system and in silico prediction models. *Frontiers in Plant Science, 14*, 1233418. https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1233418

Hoyos-Villegas, V., Song, Q., & Kelly, J. (2017). Genome-wide association analysis for drought tolerance and associated traits in common bean. *The Plant Genome, 10*(1), 1–17. https://doi.org/10.3835/plantgenome2015.12.0122

Jorge, J., Villalobos-López, M., Chavarría-Alvarado, K., Ríos-Meléndez, S., López-Meyer, M., & Arroyo-Becerra, A. (2020). Genome-wide transcriptional changes triggered by water deficit on a drought-tolerant common bean cultivar. *BMC Plant Biology, 20*, 525. https://doi.org/10.1186/s12870-020-02664-1

Keller, B., Ariza-Suarez, D., de la Hoz, J., Aparicio, J., Portilla-Benavides, A., Buendia, H., . . . Raatz, B. (2020). Genomic prediction of agronomic traits in common bean under environmental stress. *Frontiers in Plant Science, 11*, 1001. https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01001

Labastida, D., Ingvarsson, P., & Rendón-Anaya, M. (2023). Dissecting the genetic basis of drought responses in common bean using natural variation. *Frontiers in Plant Science, 14*, 1143873. https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1143873

Li, Y., Wu, X., Zhang, Y., & Zhang, Q. (2022). CRISPR/Cas genome editing improves abiotic and biotic stress tolerance of crops. *Frontiers in Genome Editing, 4*, 987817. https://doi.org/10.3389/fgeed.2022.987817

López-Hernández, F., & Cortés, A. (2019). Last-generation genome–environment associations reveal the genetic basis of heat tolerance in common bean. *Frontiers in Genetics, 10*, 954. https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00954

Mukeshimana, G., Butare, L., Cregan, P., Blair, M., & Kelly, J. (2014). Quantitative trait loci associated with drought tolerance in common bean. *Crop Science, 54*, 923–938. https://doi.org/10.2135/cropsci2013.06.0427

Mutari, B., Sibiya, J., Shayanowako, A., Chidzanga, C., Matova, P., & Gasura, E. (2023). Genome-wide association mapping for component traits of drought tolerance in dry beans. *PLOS ONE, 18*, e0278500. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0278500

Niron, H., Barlas, N., Salih, B., & Türet, M. (2020). Comparative transcriptome, metabolome, and ionome analysis of two contrasting common bean genotypes in saline conditions. *Frontiers in Plant Science, 11*, 599501. https://doi.org/10.3389/fpls.2020.599501

Nivya, V., & Shah, J. (2023). Recalcitrance to transformation, a hindrance for genome editing of legumes. *Frontiers in Genome Editing, 5*, 1247815. https://doi.org/10.3389/fgeed.2023.1247815

Novielli, P., Romano, D., Pavan, S., Losciale, P., Stellacci, A., Diacono, D., . . . Tangaro, S. (2024). Explainable artificial intelligence for genotype-to-phenotype prediction in plant breeding: A case study with a dataset from an almond germplasm collection. *Frontiers in Plant Science, 15*, 1434229. https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1434229

Papoutsoglou, E., Faria, D., Arend, D., Arnaud, E., Athanasiadis, I., Chaves, I., . . . Pommier, C. (2020). Enabling reusability of plant phenomic datasets with MIAPPE 1.1. *New Phytologist, 227*(1), 260–273. https://doi.org/10.1111/nph.16544

Raggi, L., Caproni, L., Ciancaleoni, S., D'Amato, R., Businelli, D., & Negri, V. (2024). Investigating the genetic basis of salt-tolerance in common bean: A genome-wide association study at the early vegetative stage. *Scientific Reports, 14*, 5315. https://doi.org/10.1038/s41598-024-55403-z

Sankaran, S., Zhou, J., Khot, L., Trapp, J., Mndolwa, E., & Miklas, P. (2018). High-throughput field phenotyping in dry bean using small unmanned aerial vehicle based multispectral imagery. *Computers and Electronics in Agriculture, 151*, 84–92. https://doi.org/10.1016/j.compag.2018.05.034

Schmutz, J., McClean, P., Mamidi, S., Wu, G., Cannon, S., Grimwood, J., . . . Jackson, S. (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics, 46*, 707–713. https://doi.org/10.1038/ng.3008

Schrauf, M., de los Campos, G., & Munilla, S. (2021). Comparing genomic prediction models by means of cross validation.

Frontiers in Plant Science, 12, 734512. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.734512

Sharda, A., Chaudhary, S., Kumari, B., Singh, M., Jha, U., Sharma, K., . . . Nayyar, H. (2026). Multi-trait phenotyping under reproductive-stage heat stress reveals heritable reproductive and yield indicators of tolerance in common bean (Phaseolus vulgaris L.). *Frontiers in Plant Science, 17*, 1904240. https://doi.org/10.3389/fpls.2026.1904240

Soltani, A., MafiMoghaddam, S., Oladzad-Abbasabadi, A., Walter, K., Kearns, P., Vasquez-Guzman, J., . . . Osorno, J. (2018). Genetic analysis of flooding tolerance in an Andean diversity panel of dry bean. *Frontiers in Plant Science, 9*, 767. https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00767

Soltani, A., MafiMoghaddam, S., Walter, K., Restrepo-Montoya, D., Mamidi, S., Schroder, S., . . . Lowry, D. (2017). Genetic architecture of flooding tolerance in the dry bean Middle-American diversity panel. *Frontiers in Plant Science, 8*, 1183. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01183

Subramani, M., Urrea, C., Tamatamu, S., Sripathi, V., Williams, K., Chintapenta, L., . . . Ozbay, G. (2024). Comprehensive proteomic analysis of common bean (Phaseolus vulgaris L.) seeds reveal shared and unique proteins involved in terminal drought stress response in tolerant and sensitive genotypes. *Biomolecules, 14(1), 109.* https://doi.org/10.3390/biom14010109

Tang, W., Li, Z., Xu, Z., Sui, X., Liang, L., Xiao, J., . . . Li, H. (2025). Transcriptomic and metabolomic analysis reveal the cold tolerance mechanism of common beans under cold stress. *BMC Plant Biology, 25*, 340. https://doi.org/10.1186/s12870-025-06333-z

Vargas, Y., Mayor-Durán, V., Buendía, H., Ruiz-Guzmán, H., & Raatz, B. (2021). Physiological and genetic characterization of heat stress effects in a common bean RIL population. *PLOS ONE, 16(4)*, e0249859. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0249859

Wang, K., Abid, M., Rasheed, A., Crossa, J., Hearne, S., & Li, H. (2023). DNNGP, a deep neural network-based method for genomic prediction using multi-omics data in plants. *Molecular Plant, 16*, 279–293. https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.11.004

Wong, C., Gilbert, M., Pierce, M., Parker, T., Palkovic, A., Gepts, P., & Buckley, T. (2023). Hyperspectral remote sensing for phenotyping the physiological drought response of common and tepary bean. *Plant Phenomics, 5*, 0021. https://doi.org/10.34133/plantphenomics.0021

Wu, J., Wang, L., & Wang, S. (2017). MicroRNAs associated with drought response in the pulse crop common bean. *Gene, 628*, 78–86. https://doi.org/10.1016/j.gene.2017.07.038

Yang, X., Liu, C., Yan, Z., Li, M., Li, Y., Feng, G., & Liu, D. (2023). Integrated transcriptomics and metabolomics analysis reveals key regulatory network that response to cold stress in common bean. *BMC Plant Biology, 23*, 85. https://doi.org/10.1186/s12870-023-04094-1

Zhang, Q., Geng, J., Du, Y., Zhao, Q., Zhang, W., Fang, Q., . . . Du, J. (2022). Heat shock transcription factor (Hsf) gene family in common bean (Phaseolus vulgaris): Genome-wide identification, phylogeny, evolutionary expansion and expression analyses at the sprout stage under abiotic stress. *BMC Plant Biology, 22, 33.* https://doi.org/10.1186/s12870-021-03417-4

Zhang, Q., Wang, S., Qin, B., Sun, H., Yuan, X., Wang, Q., . . . Li, C. (2023). Analysis of the transcriptome and metabolome reveals phenylpropanoid mechanism in common bean (Phaseolus vulgaris) responding to salt stress at sprout stage. *Food and Energy Security, 12, e481.* https://doi.org/10.1002/fes3.481

CHAPTER 5

Tarla Bitkileri Ürünlerinin Depolanmasında Akıllı ve Yenilikçi Teknolojiler: Kalitenin Korunması ve Kayıpların Azaltılması

HAKAN KİBAR[1]

Giriş

Tarla bitkileri ürünleri; tahıllar, yemeklik tane baklagiller, yağlı tohumlar ve tohumluk materyal başta olmak üzere insan beslenmesi, hayvan besleme ve sanayi açısından stratejik öneme sahiptir. Bu ürünlerin çoğu belirli dönemlerde hasat edilirken kullanım talebinin yıl boyunca sürmesi, depolamayı üretim-tüketim zincirinin kritik bir parçası hâline getirmektedir. Depolama sırasında nem, sıcaklık, bağıl nem, gaz bileşimi, böcek gelişimi, fungal bulaşma ve mikotoksin oluşumu; miktar kaybının yanı sıra çimlenme gücü, işleme kalitesi ve gıda güvenliğini etkileyebilmektedir (Anukiruthika & Jayas, 2024; Jain et al., 2026).

Geleneksel depolama yönetimi güvenli neme kadar kurutma, temizlik, havalandırma, sıcaklık kontrolü ve zararlı mücadelesine dayanmaktadır. Ancak büyük hacimli yığınlarda yerel sıcak noktaların oluşması ve bozulmanın görünür belirtilerden önce

[1] Prof. Dr., Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tohum Bilimi ve Teknolojisi Bölümü, Orcid: 0000-0003-1739-4547

başlayabilmesi, aralıklı ölçümlere dayalı kontrolün sınırlılıklarını ortaya koymaktadır. Bu nedenle modern depolama sistemleri sensörler, Nesnelerin İnterneti (IoT), bulut tabanlı veri altyapıları ve yapay zekâ destekli karar mekanizmalarıyla gerçek zamanlı izlemeye yönelmektedir. Sıcaklık, bağıl nem, ürün nemi ve CO_2 gibi değişkenlerin sürekli izlenmesi; makine öğrenmesi ve matematiksel modellerle birlikte kullanıldığında erken uyarı oluşturma ve havalandırma-soğutma sistemlerini daha hedefli yönetme olanağı sunmaktadır (Lutz & Coradi, 2022; Jain et al., 2026).

Akıllı depolamanın diğer bir boyutunu tahribatsız kalite değerlendirme ve yeni nesil depolama sistemleri oluşturmaktadır. Yakın kızılötesi spektroskopi, hiperspektral görüntüleme, bilgisayarlı görü ve elektronik burun gibi teknikler; tane kusurları, bazı kimyasal özellikler, fungal bulaşma ve zararlı kaynaklı değişimlerin hızlı biçimde belirlenmesinde kullanılabilmektedir. Özellikle hiperspektral görüntülemenin yapay zekâ ile bütünleştirilmesi kalite ve güvenlik değerlendirmesinde önemli potansiyel taşımaktadır (Liang et al., 2025). Hermetik torbalar ve silo-torba sistemleri ise gaz alışverişini sınırlandırarak böcek gelişimini baskılayabilmekte ve ürün kayıplarını azaltabilmektedir (Bartosik et al., 2023; Ngoma et al., 2024).

Bunlara ek olarak soğuk plazma, ozon ve diğer ısıl olmayan fiziksel teknolojiler; mikrobiyal yük, depo zararlıları ve bazı mikotoksinlerin kontrolü açısından umut verici seçeneklerdir, ancak ürün kalitesine etkileri, güvenlik ve endüstriyel ölçeğe aktarılabilirlikleri dikkatle değerlendirilmelidir (Liu et al., 2024; Pande et al., 2025). Günümüzde etkili depolama yönetimi; güvenli kurutma, uygun depolama sistemi, gerçek zamanlı sensör izleme, tahribatsız kalite değerlendirmesi ve tahmin modellerinin bütünleştirilmesine dayanmaktadır.

Tarla Bitkileri Ürünlerinde Depolama Kalitesini Etkileyen Faktörler ve Kalite Kayıpları

Depolama kalitesi, yalnızca depo ortamının koşullarıyla değil, ürünün depoya girdiği andaki fiziksel, fizyolojik ve biyokimyasal özelliklerle birlikte şekillenmektedir. Çeşit veya genotip, hasat olgunluğu, başlangıç nemi, tane bütünlüğü, yabancı madde oranı, tarla döneminden taşınan fungal bulaşmalar ve hasat-kurutma sırasında oluşan mekanik zararlar sonraki bozulma hızını etkiler. Kırık ve çatlamış taneler sağlam tanelere göre nem alışverişine, oksidasyona ve biyolojik etmenlerin girişine daha açıktır. İnce materyal ve yabancı maddeler ise yığın içindeki hava hareketini düzensizleştirerek yerel bozulma bölgelerinin oluşmasını kolaylaştırabilir. Bu nedenle depolama kayıpları, çoğu zaman ürünün başlangıç kalitesi ile depo koşullarının ortak sonucudur (Ziegler et al., 2021).

Ürün nemi, sıcaklık ve depolama süresi arasındaki etkileşim depolanabilirliğin temelini oluşturur. Tane ve tohumlar hasattan sonra da düşük düzeyde solunumlarını sürdürür; nem ve sıcaklık yükseldikçe solunum hızı, kuru madde tüketimi ve ısı oluşumu artabilir. Yığın içindeki sıcaklık farklılıkları nemin bir bölgeden diğerine taşınmasına neden olduğundan, ortalama nem uygun görünse bile lokal olarak daha nemli bölgeler ortaya çıkabilir. Bu mikro bölgeler biyolojik aktivitenin hızlanmasına ve bozulmanın çevreye yayılmasına zemin hazırlar. Ayrıca sıcaklık, tanenin kendi enzimatik ve oksidatif reaksiyonlarını da etkiler. Buğdayda 15 ve 20 °C'de depolama ve işleme özelliklerinin 30 °C'ye göre daha iyi korunduğu; yüksek sıcaklığın yağ asidi değeri, gluten özellikleri, enzim aktiviteleri ve metabolit profili üzerinde daha belirgin değişikliklere yol açtığı bildirilmiştir (Anukiruthika & Jayas, 2024; Zhao et al., 2024; Ziegler et al., 2021).

Biyolojik etmenler kalite kayıplarını hem doğrudan hem de dolaylı olarak artırır. Depo böcekleri endosperm, embriyo veya dış

katmanlarla beslenerek ağırlık kaybına, kırık tane oranının artmasına ve ticari sınıfın düşmesine neden olur. Böcek artıkları ve dışkıları fiziksel temizliği bozarken yoğun popülasyonlar yığın sıcaklığı ve nemini yükselterek fungal gelişimi destekleyebilir. Beslenme bölgesine bağlı olarak protein, lipit ve karbonhidrat fraksiyonlarında değişimler ve işleme kalitesinde bozulmalar görülebilmektedir (Stathas et al., 2023). Fungal gelişme ise kuru madde kaybı, çimlenme gücünde azalma, renk-koku değişimleri ve besin bileşenlerinin parçalanmasına yol açabilir. Toksijenik türlerin gelişmesi durumunda sorun gıda ve yem güvenliğini de kapsar. Mikotoksinler oluştuktan sonra mantar gelişiminin durdurulması ürünü başlangıçtaki güvenli durumuna döndürmediğinden, bu kayıp çoğu zaman geri dönüşsüzdür (Pande et al., 2025).

Depolama sırasında oluşan biyokimyasal değişimler, özellikle tahıl ve yağlı tohumların teknolojik ve duyusal kalitesine yansır. Nişasta yapısındaki değişimler su bağlama ve jelatinizasyon davranışını; proteinlerdeki dönüşümler hamur ve işleme özelliklerini; lipitlerin hidrolizi ve oksidasyonu ise tat, aroma ve depolama stabilitesini etkileyebilir. Buğdayda lipitlerin parçalanması serbest yağ asitleri ile aldehit ve keton gibi uçucu bileşiklerin oluşumuna, dolayısıyla acılaşma ve bayat koku gelişimine katkıda bulunabilir; fungal enzimler de bu süreci hızlandırabilir (Alconada & Moure, 2022). Yağ oranı yüksek tarla ürünlerinde çoklu doymamış yağ asitlerinin oksidasyonu daha belirgin önem taşır. Lipoksijenazların serbest yağ asitlerinden uçucu ürün oluşumunu hızlandırarak istenmeyen tat-koku gelişimine, antioksidan kaybına ve tohumun depolama ömrünün kısalmasına katkıda bulunabildiği belirtilmektedir (Mathavaraj et al., 2025). Bu nedenle görünüşünü koruyan bir ürünün işleme veya duyusal performansı depolama sonunda önemli ölçüde düşmüş olabilir.

Yemeklik tane baklagillerde depolama kalitesinin önemli göstergelerinden biri hidrasyon ve pişme davranışıdır. Özellikle

yüksek sıcaklık ve bağıl nem altında uzun süre depolanan fasulye ve diğer baklagillerde 'zor pişme' (hard-to-cook) sorunu gelişebilir. Hücre duvarı ve orta lameldeki değişiklikler, pektin-katyon etkileşimleri, fitat parçalanması, membran bütünlüğünün bozulması ve protein-nişasta matriksindeki dönüşümler tanenin su alma ve yumuşama kapasitesini azaltabilir. Sonuçta ıslatma ve pişirme süresi uzar, enerji gereksinimi artar ve tüketici kabulü düşer. Uzun pişirme ayrıca bazı ısıya duyarlı bileşenlerin kaybını artırabilir ve besin öğelerinin biyoyararlanımını olumsuz etkileyebilir (Perera et al., 2023).

Tohumluk materyalde depolama başarısının temel ölçütü canlılık ve tohum gücünün korunmasıdır. Tohum yaşlanması görünür bir bozulma olmadan ilerleyebilir ve ilk olarak çıkış hızının yavaşlaması, stres koşullarında çimlenme performansının düşmesi veya fide gelişiminin zayıflamasıyla ortaya çıkabilir. Depolama sırasında reaktif oksijen türlerinin birikmesi; membran lipitleri, proteinler ve nükleik asitlerde oksidatif hasara, antioksidan savunmanın zayıflamasına ve enerji metabolizmasının bozulmasına yol açabilir. Membran bütünlüğünün kaybı çimlenme başlangıcında çözünebilir maddelerin sızmasını artırır ve hücresel organizasyonu bozar. Özellikle ortodoks tohumlarda düşük tohum nemi ve düşük sıcaklık genel olarak uzun ömürlülüğü desteklese de tür ve genotip farklılıkları aynı koşullarda depolama ömrünün değişmesine neden olabilmektedir (Corbineau, 2024).

Kalite kayıplarının niteliği ürünün kullanım amacına göre değişir. Gıda ve yemlik materyalde kuru madde, besin değeri, renk, koku, pişme veya işleme özellikleri ile güvenlik ön plana çıkarken; tohumluk materyalde çimlenme gücü ve vigor daha kritik ölçütlerdir. Bu nedenle yalnızca ağırlık kaybını izlemek depolama başarısını değerlendirmek için yeterli değildir. Fiziksel hasar, fizyolojik yaşlanma, biyokimyasal bozulma, teknolojik performans ve mikrobiyal güvenlik birlikte ele alınmalıdır.

Ürün grupları arasındaki bileşim farklılıkları, aynı depolama koşullarının farklı sonuçlar doğurmasına da neden olur. Nişasta ve protein ağırlıklı tahıllarda öğütme, hamur ve pişirme özellikleri ön plana çıkarken; yağlı tohumlarda oksidatif stabilite, baklagillerde hidrasyon ve pişme davranışı, tohumluklarda ise canlılık ve vigor daha duyarlı kalite göstergeleridir. Bu nedenle depolama süresi için tek bir genel güvenlik sınırı tanımlamak yerine ürün türü, başlangıç nemi, kullanım amacı ve kabul edilebilir kalite eşiği birlikte değerlendirilmelidir. Ayrıca kalite kayıpları doğrusal ilerlemeyebilir; başlangıçta yavaş seyreden bozulma, nem birikimi, böcek faaliyeti veya fungal gelişim gibi bir tetikleyicinin devreye girmesiyle hızlanabilir. Bu özellik, depolama yönetiminde erken dönemdeki küçük değişimlerin önemini artırmaktadır.

Akıllı Depolama Sistemleri: Sensörler, IoT ve Gerçek Zamanlı İzleme

Akıllı depolama sistemlerinin temel işlevi, bir önceki bölümde açıklanan kalite kayıplarını depolama sonunda belirlemek yerine, bozulmayı hazırlayan değişimleri ortaya çıktığı anda algılayabilmektir. Bu yaklaşımda depo, belirli aralıklarla kontrol edilen pasif bir yapı olmaktan çıkarak sürekli veri üreten bir izleme ortamına dönüşmektedir. Sensör düğümleri, haberleşme ağı, veri kayıt yazılımı ve uyarı mekanizmaları birlikte çalıştığında ürün kütlesindeki değişimler zamana ve konuma bağlı olarak izlenebilir. Büyük silo ve yatay depolarda ürün kütlesi homojen olmadığından tek noktadan alınan ölçüm lokal bir sıcak bölgeyi veya nem birikimini temsil etmeyebilir. Bu nedenle akıllı depolamada asıl yenilik, sensörlerin mekânsal olarak dağıtılması ve farklı noktalardan gelen verilerin aynı karar altyapısında birleştirilmesidir (Labrot-Rhodes et al., 2025; Jain et al., 2026).

Sıcaklık sensörleri tahıl ve tohum depolarında en yaygın izleme bileşenidir; ancak akıllı sistemlerde ölçümün değeri tek bir

eşik değerinden çok zamansal değişim ve mekânsal gradyanların izlenmesinden kaynaklanır. Farklı derinliklere yerleştirilen sensörler olağandışı ısınma bölgelerinin belirlenmesine yardımcı olur. Bir noktadaki yavaş fakat sürekli artış veya çevredeki sensörlerden ayrışan sıcaklık eğilimi, kütle içinde gelişen biyolojik aktivitenin erken göstergesi olabilir. Bununla birlikte sensör aralıklarının geniş olması küçük sıcak bölgelerin gözden kaçmasına, çok sık yerleşim ise maliyet ve veri hacminin artmasına yol açar. Bu nedenle sensör yoğunluğu silo geometrisi, ürün yüksekliği ve havalandırma düzenine göre belirlenmeli; anlık değerlerin yanında değişim hızı da değerlendirilmelidir (Lutz & Coradi, 2022; Anukiruthika & Jayas, 2024).

Nem izlemede doğrudan tane neminin sürekli ölçülmesi her koşulda kolay olmadığından, taneler arasındaki havanın bağıl nemi ve sıcaklığından denge nem içeriğinin tahmin edilmesi önemli bir seçenektir. Kapasitif sensörler düşük maliyetli olmakla birlikte uzun süreli kullanımda sensörlerin zamanla ölçüm hassasiyetinin değişmesi, yoğunlaşma ve sıcaklık etkileri ölçüm doğruluğunu azaltabilir. Bu nedenle tek bir nem sensörü ürünün tamamını temsil eden mutlak bir değer olarak kullanılmamalıdır. Coradi et al. (2022), silo torbalarında depolanan mısırda kablosuz sensör ağı ve IoT platformuyla sıcaklık ve bağıl nemi gerçek zamanlı izleyerek denge nem içeriği ve kalite özelliklerinin tahminine yönelik bir yapı geliştirmiştir. Güncel çalışmalar da tek parametreli ölçüm yerine sıcaklık, bağıl nem ve diğer göstergeleri birleştiren çoklu sensör sistemlerine yönelimi göstermektedir (Aziz et al., 2025).

Gaz sensörleri, fiziksel çevre koşullarının ötesinde ürün ve mikroorganizma metabolizmasına ilişkin dolaylı bilgi sağlayabilir. CO_2 düzeyinin artması tane solunumu, böcek aktivitesi veya fungal gelişmeyle ilişkili olabileceğinden, sıcaklık artışı belirginleşmeden önce erken uyarı sağlayabilir. Hermetik veya modifiye atmosfer koşullarında CO_2 ve O_2 aynı zamanda depolama atmosferinin

hedeflenen sınırlar içinde kalıp kalmadığını gösterir. Ancak gaz dağılımı; sensör konumu, hava sızıntıları ve depo geometrisinden etkilenebildiği için ölçümlerin diğer sensör verileriyle birlikte yorumlanması gerekir (Labrot-Rhodes et al., 2025). Daha gelişmiş uygulamalarda elektronik burun sistemleri, uçucu organik bileşiklerin dağılımını analiz ederek mantar gelişimi ve böcek faaliyetinin ürüne zarar vermeden belirlenmesine olanak sağlayabilir. Bununla birlikte sensörlerin zamanla ölçüm hassasiyetinin değişmesi ve farklı bileşiklere benzer tepkiler vermesi, bu sistemlerin yaygın kullanımını sınırlayan önemli sorunlar arasında yer almaktadır (Akimsha et al., 2026).

Akıllı depolamada sensör kavramı sıcaklık, nem ve gaz problarıyla sınırlı değildir. Akustik algılayıcılar, kamera tabanlı tuzaklar ve optik yöntemler depo zararlılarının daha erken belirlenmesine katkı sağlayabilir. Akustik sistemler böcek hareket ve beslenme seslerini algılamayı, kamera destekli tuzaklar ise yakalanan böceklerin otomatik sayımını hedefler. Yakın kızılötesi spektroskopi ve hiperspektral görüntüleme de örneklenen tanelerde zararlı hasarı veya kalite değişimini fiziksel parçalama gerektirmeden değerlendirebilir. Crépon et al. (2023), IoT, yakın kızılötesi spektroskopi ve hiperspektral görüntülemenin depo zararlılarının izlenmesinde birbirini tamamlayabileceğini belirtmiştir. Böylece temel çevresel sensörlerden gelen anormal sinyaller daha özgül algılama araçlarıyla doğrulanabilir ve ileri sensörler yalnızca riskli bölgelerde kullanılabilir.

Sensörlerden elde edilen verilerin gerçek zamanlı olarak izlenebilmesi ve depolama yönetiminde kullanılabilmesi için güvenilir bir iletişim altyapısına ihtiyaç vardır. Depolama tesisinin büyüklüğü ve yapısına bağlı olarak kablolu ağlar, Wi-Fi, düşük enerjili Bluetooth, Zigbee, hücresel iletişim sistemleri veya düşük güç tüketimli geniş alan ağları kullanılabilir. Metal silolar kablosuz sinyallerin iletimini zayıflatabildiğinden, iletişim yönteminin

seçiminde yalnızca veri aktarım hızı değil, ortam koşulları ve bağlantı güvenilirliği de dikkate alınmalıdır. Batarya ile çalışan sensörlerde ise veri iletim sıklığı ile enerji tüketimi arasında uygun bir denge kurulması önemlidir. Normal koşullarda ölçüm ve veri aktarım aralıklarının uzatılması, kritik bir değişiklik algılandığında ise ölçüm sıklığının artırılması enerji verimliliğine katkı sağlayabilir. Nesnelerin İnterneti (IoT) tabanlı sistemlerde sensör düğümlerinden elde edilen veriler önce ağ geçidine, ardından yerel veya bulut tabanlı bir veri işleme ortamına aktarılır. Kullanıcılar bu verilere internet veya mobil uygulamalar üzerinden erişerek güncel ölçümleri ve zamana bağlı değişimleri izleyebilir. Böylece uzaktan izleme, düzenli kayıt tutma ve olası sorunların erken belirlenmesi açısından önemli avantajlar sağlanabilir (Priyadarsani et al., 2023).

Gerçek zamanlı izleme, yalnızca ölçüm değerlerinin ekranda sürekli gösterilmesiyle sınırlı kalmamalıdır. Özellikle büyük depolama tesislerinde çok sayıda sensörden elde edilen veriler arasındaki önemli değişimlerin sistem tarafından otomatik olarak belirlenmesi gerekir. Alt ve üst sınır değerlerinin tanımlanması yararlı olmakla birlikte tek başına yeterli değildir. Örneğin, kabul edilebilir sınırlar içinde kalmasına rağmen birkaç gün boyunca sürekli yükselen bir sıcaklık değeri veya yakınındaki sensörlerden belirgin biçimde farklı ölçüm yapan bir sensör, kritik sınıra ulaşılmadan önce olası bir soruna işaret edebilir. Bu nedenle uyarı sistemlerinde ölçülen değerin yanı sıra değişim hızı, değişimin devamlılığı ve yakın bölgelerdeki ölçümlerle olan farklılıklar birlikte değerlendirilmelidir. Sensör verilerinin matematiksel modellerle birlikte kullanılması, doğrudan ölçüm yapılamayan bölgelerdeki koşulların tahmin edilmesine ve depolama ortamında ilerleyen süreçte ortaya çıkabilecek değişimlerin öngörülmesine katkı sağlayabilir (Anukiruthika & Jayas, 2024). Böylece izleme sistemleri, sorun ortaya çıktıktan sonra müdahale eden bir yapıdan

çıkarak riskleri önceden belirleyen ve zamanında müdahaleye olanak sağlayan bir yapıya dönüşebilir.

Akıllı depolama sistemlerinin güvenilirliği, sensör sayısından çok elde edilen verilerin doğruluğuna ve sürekliliğine bağlıdır. Kalibrasyon bozulması, sensörlerin zamanla ölçüm hassasiyetini kaybetmesi, bataryaların tükenmesi, veri iletiminde kayıplar, yoğunlaşma, tozlanma ve mekanik hasarlar uzun süreli depolama sırasında hatalı veya eksik ölçümlere neden olabilir. Bu nedenle sensörlerin düzenli olarak kalibre edilmesi, referans cihazlarla doğrulanması, arızalı sensörlerin sistem tarafından otomatik olarak belirlenmesi ve bağlantı kesintilerinde verilerin geçici olarak yerel bellekte saklanması sistem tasarımının temel unsurları arasında yer almalıdır. Aziz et al. (2025), uzun süreli ölçüm kararlılığının sağlanamaması ve standart kalibrasyon yöntemlerinin bulunmamasını bu sistemlerin yaygın kullanımını sınırlayan başlıca etkenler arasında göstermektedir. IoT tabanlı sistemlerde kullanıcı erişiminin yetkilendirilmesi, verilerin güvenli biçimde aktarılması ve düzenli olarak yedeklenmesi de önem taşımaktadır. Sonuç olarak sensör ve IoT tabanlı sistemler, depolama ortamındaki değişimlerin sürekli izlenmesini sağlayarak kalite kayıpları belirgin hâle gelmeden önce müdahale edilmesine olanak tanır. Aynı altyapı, gelişmiş veri analizi ve otomatik karar destek sistemlerinin oluşturulması için de temel oluşturmaktadır (Anukiruthika & Jayas, 2025).

Yapay Zekâ, Makine Öğrenmesi ve Görüntüleme Teknolojileri

Bir önceki bölümde sensörler ve gerçek zamanlı izleme sistemleri, depolama ortamındaki değişimlerin sürekli olarak belirlenmesini ve kaydedilmesini sağlayan bir veri altyapısı olarak ele alınmıştır. Bu bölümde ise elde edilen verilerin sınıflandırma, tahmin ve karar verme süreçlerinde nasıl kullanılabileceği üzerinde durulmaktadır. Yapay zekâ ve makine öğrenmesi uygulamaları;

kusurlu veya risk taşıyan tanelerin belirlenmesi, zararlı ve mantar kaynaklı bulaşmaların erken dönemde saptanması, kalite özelliklerinin ürüne zarar vermeden tahmin edilmesi ve bozulma riskinin önceden öngörülmesi gibi amaçlarla kullanılabilmektedir. Bu nedenle söz konusu sistemlerin başarısı yalnızca yüksek doğrulukta tahmin yapan modeller geliştirilmesiyle değil, farklı depolama koşullarında güvenilir, tekrarlanabilir ve zamanında karar vermeye yardımcı sonuçlar üretmesiyle değerlendirilmelidir (Anukiruthika & Jayas, 2025; Lutz & Coradi, 2022).

Kullanılacak makine öğrenmesi yöntemi, ele alınan probleme ve verinin yapısına göre belirlenmelidir. Etiketlenmiş verilerde sınıflandırma veya sayısal tahmin amacıyla destek vektör makineleri (SVM), rastgele orman (RF) ve yapay sinir ağları (ANN) gibi yöntemlerden yararlanılabilir. Derin öğrenme yöntemleri ise özellikle görüntü ve spektral verilerdeki karmaşık ilişkileri doğrudan veriden öğrenebilmesi nedeniyle öne çıkmaktadır. Bununla birlikte bu yöntemler daha fazla eğitim verisi ve işlem gücü gerektirmekte, ayrıca modelin hangi ölçütlere göre karar verdiğinin açıklanmasını güçleştirebilmektedir. Bu nedenle model seçiminde yalnızca doğruluk düzeyi değil; veri miktarı, işlem süresi, donanım gereksinimi ve farklı saha koşullarında güvenilir sonuç verebilme yeteneği de dikkate alınmalıdır. Model başarısının gerçekçi biçimde değerlendirilebilmesi için eğitim, doğrulama ve test verilerinin birbirinden bağımsız tutulması; ayrıca farklı çeşitleri, hasat yıllarını, cihazları ve depolama koşullarını temsil eden bağımsız doğrulama verilerinin kullanılması önem taşımaktadır (Das et al., 2025; Fan et al., 2022).

Bilgisayarlı görü sistemleri, tarla bitkileri ürünlerinde kalite özelliklerinin hızlı ve ürüne zarar vermeden değerlendirilmesine olanak sağlayan en yaygın yöntemlerden biridir. RGB kameralarla tanelerin şekli, büyüklüğü, rengi, kırık oranı, yabancı madde varlığı ve yüzey kusurları sayısal olarak belirlenebilir. Geleneksel görüntü

işleme yöntemlerinde renk, doku ve geometrik özellikler önceden tanımlanırken, evrişimsel sinir ağları (CNN) ayırt edici özellikleri eğitim sürecinde doğrudan görüntülerden öğrenebilmektedir. Geniş ve farklı koşulları temsil eden veri kümelerinin kullanılması, modelin yalnızca belirli bir laboratuvar ortamına uyum sağlamasını önleyerek farklı örneklerde daha güvenilir sonuç vermesine katkı sağlar. Fan et al. (2022) tarafından geliştirilen GrainSpace veri kümesinin buğday, mısır ve pirince ait 5.25 milyon görüntü ile beş ülke ve 30'dan fazla bölgeden elde edilen örnekleri içermesi, tane görünüş özelliklerinin değerlendirilmesinde farklı üretim bölgelerine uygulanabilecek modellerin geliştirilmesi açısından önemli bir veri kaynağı oluşturmaktadır.

Derin öğrenmeye dayalı görüntü analizinin önemli kullanım alanlarından biri, kusurlu tanelerin otomatik olarak belirlenmesidir. Bazı kusur türleri arasındaki görsel farklılıklar oldukça sınırlı olduğundan, görüntünün yalnızca tek bir ayrıntı düzeyinde değerlendirilmesi yeterli olmayabilir. Bu nedenle farklı büyüklükteki görüntü özelliklerini birlikte değerlendirebilen çok ölçekli ağ yapıları geliştirilmektedir. Zhang et al. (2025), depolanmış buğdayda kusurlu tanelerin tanınması amacıyla MSPCNeXt modelini geliştirmiş ve GrainSpace veri kümesinde karşılaştırılan temel modellere göre daha yüksek tanıma başarısı elde etmiştir. Daha yeni ve daha az işlem gücü gerektiren ağ yapıları ise doğruluk ile hesaplama yükü arasında denge kurarak bu modellerin taşınabilir cihazlarda veya doğrudan depo ortamında kullanılmasını kolaylaştırmayı amaçlamaktadır (Zhang et al., 2026).

Görüntüye dayalı yapay zekâ uygulamaları, depo zararlılarının tanımlanmasında da önemli olanaklar sunmaktadır. Kamera veya yapışkan tuzaklardan elde edilen görüntüler üzerinden zararlı türlerinin otomatik olarak belirlenmesi, sayım işlemlerinin hızlandırılması ve uzman değerlendirmesine duyulan gereksinimin azaltılması açısından yararlıdır. Badgujar et al. (2023), yaygın olarak

görülen beş depo zararlısı türünü ResNet-50, MobileNet-v2, DarkNet-53 ve EfficientNet-b0 gibi evrişimsel sinir ağı (CNN) modelleriyle sınıflandırmış ve bu modellerin türleri en az %96 doğrulukla tanımlayabildiğini bildirmiştir. Çalışmada kullanılan Grad-CAM ısı haritaları ise modelin karar verirken görüntünün hangi bölgelerine ağırlık verdiğini göstererek sonuçların daha kolay yorumlanmasını sağlamıştır. Bu tür açıklanabilir yapay zekâ yöntemleri, yalnızca yüksek doğruluk elde edilmesine değil, modelin karar verirken biyolojik açıdan anlamlı özelliklere dayanıp dayanmadığının değerlendirilmesine de katkı sağlamaktadır.

Hiperspektral görüntüleme (HSI), klasik RGB görüntülemeden farklı olarak görüntüdeki her piksele ait çok sayıda dar dalga boyu aralığında spektral bilgi sağlar. Böylece ürünün dış görünüşüne ilişkin bilgiler ile kimyasal bileşimindeki değişimlerle bağlantılı optik özellikler aynı veri kümesi içinde birlikte değerlendirilebilir. Çok sayıda spektral banttan oluşan hiperspektral verilerin doğrudan işlenmesi yüksek hesaplama yükü oluşturduğundan, analiz öncesinde verilerin ölçeklendirilmesi, gürültünün azaltılması, temel bileşen analizi ve ayırt edici dalga boylarının seçilmesi gibi işlemler uygulanmaktadır. Daha sonra destek vektör makineleri (SVM), kısmi en küçük kareler yöntemi, yapay sinir ağları (ANN) veya evrişimsel sinir ağları (CNN) gibi yöntemlerden yararlanılabilir. Güncel çalışmalar, hiperspektral görüntülemenin makine öğrenmesi ve derin öğrenme yöntemleriyle birlikte kullanılmasının tane kusurlarının, bileşim özelliklerinin, mantar gelişiminin ve mikotoksin riskinin ürüne zarar vermeden belirlenmesinde önemli bir potansiyele sahip olduğunu göstermektedir (Das et al., 2025; Liang et al., 2025; Miao et al., 2025).

Mantar bulaşması ve mikotoksin riski, hiperspektral görüntüleme ile yapay zekânın birlikte kullanıldığı en önemli depolama uygulamaları arasında yer almaktadır. Görsel belirtiler

henüz ortaya çıkmadan önce tane yüzeyinde ve kimyasal bileşimde meydana gelen değişimler, belirli dalga boylarında ışığın yansıma özelliklerini etkileyebilir. Siripatrawan & Makino (2024), 400–1000 nm dalga boyu aralığında hiperspektral görüntüleme kullanarak farklı düzeylerde *Penicillium* bulaşması oluşturulan kahverengi pirinci incelemiş ve temel bileşen analiziyle veri boyutu azaltıldıktan sonra Gaussian SVM modelinin bulaşma düzeylerini %93,4 doğrulukla sınıflandırabildiğini bildirmiştir. Bununla birlikte ürünün nem içeriği, çeşidi, tane yapısı ve birden fazla mantar türünün birlikte bulunması spektral yanıtı değiştirebilir. Bu nedenle uygulamaya yönelik modellerin, ayırt edici dalga boyları seçilerek daha yalın hâle getirilmesi ve farklı ürün, parti ve depolama koşullarında bağımsız verilerle doğrulanması önem taşımaktadır (Kabir et al., 2025).

Yakın kızılötesi (NIR) ve HSI tabanlı sistemler yalnızca kusur veya bulaşma belirlemek amacıyla değil, nem, protein, nişasta, yağ ve benzeri kalite özelliklerinin tahmininde de kullanılabilmektedir. Bu sayede ürünlerin depoya kabulü sırasında ve depolama süresince daha fazla örneğin kısa sürede ve ürüne zarar vermeden incelenmesi mümkün olmaktadır. Bununla birlikte bir modelin belirli bir cihazda veya laboratuvar koşulunda yüksek başarı göstermesi, farklı cihazlar, çeşitler, üretim bölgeleri ve hasat yıllarında aynı doğruluğu sağlayacağı anlamına gelmez. Transfer öğrenme, kalibrasyon aktarımı ve farklı veri ortamlarına uyarlama yöntemleri, daha önce geliştirilen modellerin yeni cihazlara veya ürün gruplarına daha az sayıda yeni örnek kullanılarak uyarlanmasına yardımcı olabilir (Fan et al., 2022; Miao et al., 2025).

Yapay zekânın depolama yönetimindeki en önemli katkılarından biri, farklı kaynaklardan elde edilen verileri birlikte değerlendirerek geleceğe yönelik karar vermeyi destekleyebilmesidir. Geçmiş depolama verileriyle eğitilen modeller; bozulma olasılığının belirlenmesi, kalite değerlerinin

kritik sınırlara yaklaşmasının öngörülmesi ve hangi ürün veya partilerden öncelikle örnek alınması gerektiğinin belirlenmesi gibi amaçlarla kullanılabilir. Bununla birlikte modellerin, depolama sürecinde etkili olan fiziksel ve biyolojik mekanizmalardan tamamen bağımsız olarak geliştirilmesi güvenilirliği azaltabilir. Bu nedenle sıcaklık, nem, ürün özellikleri ve depo yapısına ilişkin süreç bilgileri ile veriye dayalı modellerin birlikte kullanılması daha güvenilir sonuçların elde edilmesine katkı sağlayabilir (Anukiruthika & Jayas, 2024, 2025). Uygulamada karşılaşılan önemli sorunlardan biri de geliştirilen modellerin farklı koşullarda aynı başarıyı gösterememesidir. Örneğin, sabit aydınlatma ve temiz arka plan koşullarında eğitilen bir görüntü modeli; gerçek depo ortamında toz, kırık ürün parçaları, farklı kamera açıları ve değişken aydınlatma nedeniyle daha düşük başarı gösterebilir. Bu nedenle model performansı değerlendirilirken yalnızca genel doğruluk oranı değil; duyarlılık, kesinlik, F1 skoru ve özellikle riskli örneklerin gözden kaçırılma oranı gibi göstergeler de dikkate alınmalıdır (Badgujar et al., 2023; Das et al., 2025).

Sonuç olarak yapay zekâ, makine öğrenmesi ve görüntüleme teknolojileri, önceki bölümde ele alınan izleme altyapısının ürettiği veriyi anlamlandıran tamamlayıcı araçlardır. RGB görüntüleme düşük maliyetli ve hızlı görsel sınıflandırma sağlarken, HSI ve NIR tabanlı sistemler gözle görünmeyen kimyasal ve biyolojik değişimlere ilişkin daha zengin bilgi sunar. Gelecekte uygulama başarısını belirleyecek temel unsur tek bir algoritmanın doğruluğundan çok; standardize edilmiş veri toplama, saha doğrulaması, farklı veri türlerinin uygun biçimde birleştirilmesi ve model çıktılarının depolama operasyonuna güvenli şekilde aktarılması olacaktır (Anukiruthika & Jayas, 2025; Kabir et al., 2025).

Yenilikçi Koruma ve Depolama Teknolojileri

Önceki bölümlerde depolama kayıplarını etkileyen temel etmenler, sensör ve Nesnelerin İnterneti (IoT) tabanlı izleme sistemleri ile yapay zekâ destekli değerlendirme yöntemleri ele alınmıştır. Bu bölümde ise izleme aşamasının ötesine geçilerek, depolama ortamını veya zararlı etmenleri doğrudan etkileyen yeni koruma teknolojileri üzerinde durulmaktadır. Hava geçirmeyen depolama sistemleri, değiştirilmiş atmosfer uygulamaları, ozonlama, soğuk plazma, elektromanyetik ısıtma ve diğer ısıl olmayan fiziksel yöntemler; kimyasal fumigant kullanımının azaltılması, zararlı ve mikroorganizmaların gelişiminin sınırlandırılması ve ürün güvenliğinin artırılması açısından önemli seçenekler sunmaktadır. Bununla birlikte bu yöntemlerin hiçbiri bütün ürünler ve depolama koşulları için tek başına ideal değildir. Ürünün başlangıç nemi, kullanım amacı, depo büyüklüğü, enerji gereksinimi ve uygulama sonrasında kalite özelliklerinin korunması, uygun teknolojinin seçiminde dikkate alınması gereken başlıca ölçütlerdir (Liu et al., 2024; Pande et al., 2025).

Hermetik Depolama ve Değiştirilmiş Atmosfer Uygulamaları

Hava geçirmeyen depolama sistemleri, dış ortamla gaz alışverişini büyük ölçüde sınırlandırarak ürünün ve ortamda bulunan canlıların solunumu sonucunda O_2 düzeyinin azalması, CO_2 düzeyinin ise yükselmesi esasına dayanır. Bu değişim, böcekler ve oksijenli ortamda gelişen mikroorganizmalar için elverişsiz koşullar oluşturur. Değiştirilmiş veya kontrollü atmosfer uygulamalarında ise N_2 ya da CO_2 dışarıdan verilerek istenen gaz bileşimine daha kısa sürede ulaşılması sağlanır. Silo torbaları ve çok katmanlı hava geçirmeyen torbalar, özellikle üretici koşullarında kimyasal kalıntı bırakmadan koruma sağlaması açısından önemli bir potansiyele sahiptir (Bartosik et al., 2023; Lin et al., 2025; Ngoma et al., 2024). Odjo et al. (2025), mısır ve fasulyede onarılarak yeniden kullanılan

hava geçirmeyen torbaların dört depolama döngüsü boyunca böcek zararını ve ağırlık kaybını düşük düzeyde tutabildiğini göstermiştir. Bununla birlikte bu sistemler ürünün başlangıçtaki yüksek nemini azaltmaz. Yeterince kurutulmamış ürünün hava geçirmeyen koşullarda depolanması, solunumu hızlandırarak kalite kayıplarını artırabilir. Bu nedenle ürünün uygun nem düzeyine kadar kurutulması, sızdırmazlığın düzenli olarak kontrol edilmesi ve torba ya da silo bütünlüğünün korunması başarılı bir uygulamanın temel koşullarıdır.

Ozonlama

Ozon (O_3), güçlü oksitleyici özelliğe sahip olması ve uygulama sonrasında oksijene dönüşmesi nedeniyle depolanmış ürünlerde kalıntı bırakmadan koruma sağlayabilen yöntemlerden biri olarak öne çıkmaktadır. Uygun doz ve uygulama süresinde böcekler, bakteriler, küfler ve bazı mikotoksinler üzerinde etkili olabilmektedir. Güncel uygulamalarda sabit hazne sistemlerinin yanı sıra sürekli akışlı düzenekler, kapalı devre gaz dolaşımı, taşıma bandı üzerinde ozonlama ve düşük basınç altında uygulama yöntemlerinden yararlanılmaktadır (Lin et al., 2025; Sitoe et al., 2025). Bununla birlikte O_3, tane yüzeyi ve organik maddelerle hızla tepkimeye girdiğinden, büyük ürün yığınlarında gazın giriş noktasından uzaklaştıkça etkili düzeyi azalabilmektedir. Bu nedenle gazın yığın içinde dengeli dağıtılması, uygulama noktalarının doğru belirlenmesi ve gaz dolaşım sisteminin uygun biçimde tasarlanması büyük önem taşır. Aşırı ozon uygulaması özellikle yağlı tohumlarda oksidasyona bağlı kalite kayıplarına yol açabileceğinden, doz ve uygulama süresinin ürüne göre belirlenmesi gereklidir. Ayrıca çalışanların ozona maruz kalma riski ve ekipmanlarda oluşabilecek aşınma nedeniyle uygulamanın kapalı sistemlerde yürütülmesi, ortam ozon düzeyinin izlenmesi ve işlem sonunda kalan ozonun güvenli biçimde ortamdan uzaklaştırılması gerekmektedir (Sitoe et al., 2025).

Soğuk Plazma

Soğuk plazma; reaktif oksijen ve azot türleri, iyonlar, elektronlar ve ultraviyole bileşenler içeren, üründe belirgin bir sıcaklık artışına yol açmadan yüksek kimyasal etkinlik oluşturabilen bir teknolojidir. Tahıl yüzeyindeki mikroorganizmaların hücre zarlarına ve genetik materyaline zarar vererek mikrobiyal yükün azaltılmasını sağlayabilir; ayrıca bazı pestisit kalıntıları ile mikotoksinlerin parçalanmasına da katkıda bulunabilir (Kaur et al., 2024; Wang et al., 2026). Bu yöntemin en önemli sınırlılıklarından biri, laboratuvar koşullarında elde edilen etkinliğin büyük miktardaki ürüne eşit ve yeterli düzeyde uygulanabilmesidir. Uygulama gücü, işlem süresi, kullanılan gazın bileşimi, bağıl nem ve elektrotların yerleşimi elde edilen sonucu önemli ölçüde etkileyebilir. Oluşan reaktif türler nişasta, protein ve yağlarla da tepkimeye girebildiğinden, aşırı uygulama renk değişimi, oksidatif bozulma veya tohum canlılığında azalma gibi olumsuz sonuçlara yol açabilir. Bu nedenle gıda, yem ve tohumluk ürünler için uygulama koşullarının ayrı ayrı belirlenmesi ve yöntemin büyük ölçekli depolama koşullarında doğrulanması gerekmektedir (Liu et al., 2024; Wang et al., 2026).

Radyo Frekansı ve Mikrodalga Uygulamaları

Radyo frekansı (RF) ve mikrodalga uygulamaları, elektromanyetik enerjinin ürün ve zararlı dokularında ısıya dönüşmesi esasına dayanır. Kuru tanelerde böceklerin su içeriği ve elektriksel özellikleri çevresindeki tanelerden farklı olduğunda, zararlılar ürüne göre daha hızlı ısınabilir. Böylece kısa sürede böcek kontrolü sağlanırken kimyasal fumigant kullanımının azaltılması mümkün olabilir. Radyo frekansı, daha uzun dalga boyuna sahip olması nedeniyle büyük ürün kütlelerinde daha derinlere ulaşabilmesiyle; mikrodalga ise enerjiyi hızlı biçimde aktarabilmesiyle öne çıkmaktadır (El Arroud et al., 2024). Bu

yöntemlerin temel sorunlarından biri, ısının ürün içerisinde eşit biçimde dağılmamasıdır. Ürünün nemi, yığın yoğunluğu ve ürünün sistem içindeki dağılımı farklı sıcaklık bölgelerinin oluşmasına neden olabilir. Yeterince ısınmayan bölgelerde böcekler canlı kalabilirken, aşırı ısınan bölgelerde tohumların çimlenme yeteneği ve ürün kalitesi olumsuz etkilenebilir. İşlem sırasında ürünün karıştırılması veya hareket ettirilmesi, elektrot ve antenlerin uygun biçimde yerleştirilmesi ve uygulama sonrasında ürünün hızla soğutulması, sıcaklık farklılıklarını azaltmak için kullanılabilecek başlıca yöntemlerdir.

İyonlaştırıcı Radyasyon, Darbeli Elektrik Alan ve Ultrases

İyonlaştırıcı ışınlama, darbeli elektrik alan (PEF) ve ultrases, depolanmış ürünlerin korunmasında değerlendirilen diğer gelişmekte olan fiziksel yöntemlerdir. Gama ışınları, X ışınları ve elektron demetleri; böcek ve mikroorganizmaların genetik materyalinde hasar oluşturarak gelişme ve çoğalmalarını sınırlandırabilir. İşlem sırasında ürün sıcaklığının fazla yükselmemesi önemli bir avantaj olmakla birlikte, uygulanacak dozun özellikle tohumluk ürünlerde embriyo canlılığı ve çimlenme yeteneği dikkate alınarak belirlenmesi gerekir. Darbeli elektrik alan uygulamalarında kısa süreli yüksek gerilim darbeleri hücre zarının geçirgenliğini artırarak hücresel yapıda bozulmaya yol açar. Ancak kuru ve büyük tane yığınlarının elektriksel iletkenliğinin düşük olması, uygulamanın ürünün tamamına eşit biçimde ulaşmasını sıvı sistemlere göre güçleştirmektedir. Ultrases uygulamalarının etkisi ise sıvı ortamda oluşan kabarcıkların hızla oluşup çökmesine dayandığından, bu yöntem daha çok yıkama, ıslak işleme ve sıvı ortam içeren uygulamalarda etkili olmaktadır. Bu nedenle söz konusu teknolojilerin tahıl depolamasındaki uygulanabilirlik düzeyleri birbirinden farklıdır ve mevcut silo sistemlerine uyarlanma olanaklarının her teknoloji için ayrı ayrı değerlendirilmesi gerekmektedir (Liu et al., 2024).

Hibrit ve Çoklu Engel Yaklaşımları

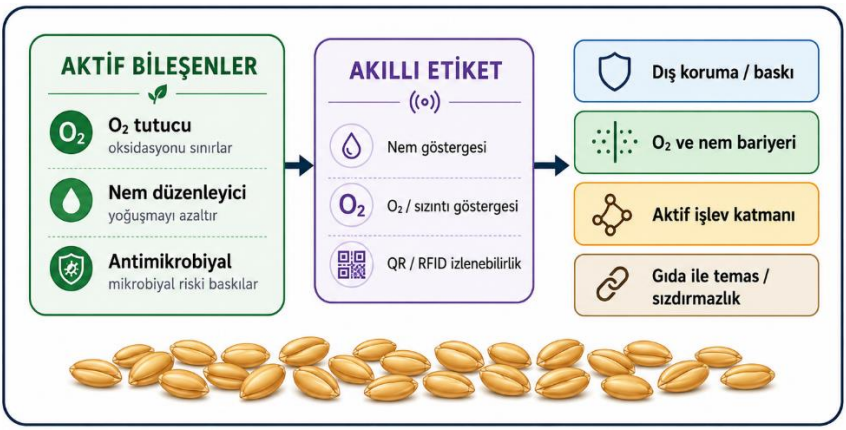
Yenilikçi depolama sistemlerinde öne çıkan yaklaşımlardan biri, tek bir yöntemin yüksek düzeyde uygulanması yerine farklı koruma yöntemlerinin birlikte ve birbirini tamamlayacak biçimde kullanılmasıdır. Ürünün güvenli bir başlangıç nemine sahip olması ve hava geçirmeyen koşullarda depolanması temel korumayı sağlarken, riskli ürün partilerinde ozon, soğuk plazma veya elektromanyetik ısıtma gibi hedefe yönelik uygulamalardan yararlanılabilir. Mikotoksinlerin azaltılmasına yönelik çalışmalar da farklı fiziksel yöntemlerin uygun biçimde birlikte kullanılmasının etkinliği artırabileceğini, ancak bu etkinin her ürün için ayrı ayrı doğrulanması gerektiğini göstermektedir (Pande et al., 2025). Bütünleşik depolama yaklaşımı; mekanik havalandırma, tane soğutma, gerektiğinde gaz uygulaması ve dijital izleme gibi işlemlerin ortak bir yönetim sistemi içinde yürütülmesini de kapsamaktadır. Çin'de geliştirilen “dört bir arada” sistemi; mekanik havalandırma, tane soğutma, dolaşımlı fumigasyon ve akıllı izlemeyi bir araya getiren bu yaklaşıma örnek oluşturmaktadır (Chen, 2025). Sonuç olarak geleceğin depolama sistemlerinin, tek bir teknolojiyi sürekli uygulamak yerine sensörlerden ve tahmin modellerinden elde edilen bilgilere göre uygun müdahaleyi uygun zamanda gerçekleştiren, enerji ve kimyasal kullanımını azaltan bütünleşik çözümlere yönelmesi beklenmektedir. Teknoloji seçiminde gıda güvenliği, işleme kalitesi, tohum canlılığı, yatırım maliyeti, çalışan güvenliği ve ilgili mevzuat birlikte değerlendirilmelidir (Chen, 2025; Lin et al., 2025).

Yeni Nesil Ambalajlama Sistemleri

Önceki bölümde, depolama ortamını doğrudan etkileyen koruma teknolojileri ele alınmıştır. Ambalajlama ise ürünün çevresinde daha küçük ve denetlenebilir bir ortam oluşturarak koruyucu etkinin taşıma, dağıtım ve kullanım aşamalarında da

sürdürülmesine katkı sağlar. Yeni nesil ambalajların işlevi yalnızca ürünü fiziksel olarak korumak ve taşımakla sınırlı değildir. Bu sistemler; oksijen ve su buharı geçişini azaltmak, zararlıların ürüne ulaşmasını sınırlandırmak, oksidasyonu geciktirmek, ambalaj bütünlüğü hakkında bilgi vermek ve gerektiğinde ürünle ilgili bilgilerin izlenmesini sağlamak amacıyla da kullanılmaktadır (Şekil 1). Bu nedenle güncel ambalajlama yaklaşımları, yüksek koruyuculuk sağlayan, aktif, akıllı ve sürdürülebilir özelliklerin ürünün gereksinimlerine göre bir arada kullanılmasına dayanmaktadır (Kadirvel et al., 2025; Mkhari et al., 2025).

Şekil 1. Tarla bitkileri ürünleri için yeni nesil ambalajın temel işlevsel bileşenleri



Orijinal, yazar tarafından hazırlanmıştır.

Yüksek Bariyerli ve Çok Katmanlı Yapılar

Tarla bitkileri ürünlerinde ambalajın koruyucu etkinliğini belirleyen başlıca özellikler; su buharı ve oksijen geçirgenliği, ışığa karşı koruma, delinmeye dayanıklılık ve ambalajın sızdırmazlığıdır. Özellikle un, kırılmış taneler ve yağlı tohumlarda yüzey alanının artması, ürünün oksijen ve neme karşı duyarlılığını artırmaktadır. Çok katmanlı ambalajlarda dış tabaka mekanik dayanıklılık ve baskıya uygun yüzey sağlarken, ara tabakalar gaz ve nem geçişini

sınırlandırır; iç tabaka ise ürünle güvenli temasın sağlanması ve ambalajın ısıyla kapatılması işlevlerini yerine getirir. Bununla birlikte farklı polimerlerin aynı ambalaj yapısında birlikte kullanılması geri dönüşümü güçleştirmektedir. Bu nedenle yeni ambalaj tasarımlarında daha ince koruyucu kaplamaların ve aynı tür malzemeden oluşturulan çok katmanlı yapıların geliştirilmesine yönelim artmaktadır (Adam et al., 2025).

Aktif ve Uyaran-Duyarlı Ambalajlama

Aktif ambalajlar, paket içindeki belirli bozulma etmenlerini doğrudan etkileyerek ürünün korunmasına katkı sağlar. Oksijen tutucu sistemler, özellikle yağlı tohumlar ve öğütülmüş ürünlerde oksidasyon riskini azaltabilir. Nem düzenleyici bileşenler, sıcaklık değişimlerine bağlı olarak paket içinde oluşabilecek bölgesel nem artışlarını sınırlandırabilir; antimikrobiyal ve antioksidan maddeler ise film, kaplama veya ayrı bir taşıyıcı içerisinde kullanılabilir (Kadirvel et al., 2025). Bununla birlikte bu sistemler, ürünün uygun nem düzeyine kadar kurutulmasının veya yeterli koruyuculuğa sahip bir ambalaj kullanılmasının yerini tutmaz. Aktif bileşenin miktarı ve etkinliği; ürün miktarı, başlangıç nemi, ambalaj içindeki boşluk hacmi, filmin geçirgenliği ve hedeflenen depolama süresi dikkate alınarak belirlenmelidir. Güncel yaklaşımlarda, aktif maddenin sürekli olarak salınması yerine nem, oksijen veya sıcaklık gibi çevresel değişimlere bağlı olarak gerektiğinde etkinleşen duyarlı ambalaj sistemleri üzerinde durulmaktadır. Tahıl ve tahıl ürünlerinde nem, oksijen, sıcaklık, pH, ışık ve enzim değişimlerine yanıt veren bu tür ambalaj sistemlerinin geliştirildiği bildirilmektedir (Feng et al., 2025).

Akıllı ve İzlenebilir Ambalajlar

Akıllı ambalajlar, ürünü doğrudan korumaktan çok ambalajın geçmişi, bütünlüğü ve iç ortam koşulları hakkında bilgi sağlamaya yönelik sistemlerdir. Nem ve oksijen göstergeleri, sızıntı

belirleyicileri, zaman-sıcaklık etiketleri, RFID, NFC ve QR tabanlı uygulamalar bu grupta yer almaktadır (Mkhari et al., 2025). Depo içinde sabit olarak kullanılan sensörlerden farklı olarak bu sistemler ürünle birlikte taşınabildiğinden, özellikle tohumluk ürünlerde, ihracata yönelik baklagillerde ve yüksek değerli özel tahıllarda parti düzeyinde izlenebilirlik sağlayabilir. Basılı elektronik teknolojilerindeki gelişmeler, gelecekte düşük maliyetli göstergelerin doğrudan ambalaj yüzeyine yerleştirilmesini kolaylaştırabilir. Bununla birlikte her ambalaja karmaşık elektronik bileşenlerin eklenmesi ekonomik açıdan uygun olmayabilir. Bu nedenle kullanılacak akıllı ambalaj özelliği, ürünün ekonomik değeri, depolama ve taşıma koşulları ile karşılaşılabilecek risklerin düzeyi dikkate alınarak belirlenmelidir.

Biyobazlı, Biyobozunur ve Nanokompozit Malzemeler

Sürdürülebilir ambalaj geliştirme çalışmalarında nişasta, selüloz, kitosan ve bitkisel proteinler ile PLA ve PHA gibi biyolojik kökenli veya doğada parçalanabilen polimerler öne çıkmaktadır. Tarla bitkileri bu açıdan yalnızca ambalajlanan ürünler değil, aynı zamanda nişasta, selüloz ve protein temelli ambalaj malzemelerinin de önemli bir kaynağıdır. Bununla birlikte doğal polimerlerden üretilen filmler, yüksek bağıl nem koşullarında su buharına karşı koruyuculuk ve mekanik dayanıklılık açısından yetersiz kalabilmektedir. Nanoselüloz, nanokil ve benzeri nano ölçekli dolgu maddeleri, gazların ambalaj içinden geçiş yolunu uzatarak gaz ve nem geçişini azaltabilir ve mekanik dayanımı artırabilir; bazı yapılarda antimikrobiyal veya algılama işlevleri de sağlayabilir (Bharathi & Jayas, 2024; He et al., 2025). Ancak nanomalzemelerin ambalajdan ürüne geçiş olasılığı, gıda ile temasta güvenliği ve kullanım sonrasında nasıl yönetileceği ayrıca değerlendirilmelidir. Bu nedenle ambalajın sürdürülebilirliği yalnızca doğada parçalanabilme özelliğiyle değil, ürün kayıplarını ne ölçüde azalttığı da dikkate alınarak değerlendirilmelidir.

Ürün-Özgü Ambalaj Seçimi

Yeni nesil ambalajın seçimi, ürünün fiziksel özelliklerine ve kullanım amacına göre yapılmalıdır. Bütün tanelerde delinmeye dayanıklılık ve neme karşı koruma; un ve kırılmış ürünlerde oksijen, aroma ve toz geçişinin sınırlandırılması; yağlı tohumlarda oksidasyonun azaltılması; tohumluk ürünlerde ise canlılığın korunmasına yönelik nem yönetimi ve güvenilir izlenebilirlik ön plana çıkmaktadır. Gelecekte geri dönüştürülebilir tek malzemeli filmler, biyolojik kökenli aktif katmanlar, yalnızca risk ortaya çıktığında etkin madde salan sistemler ve düşük maliyetli basılı göstergelerin birlikte geliştirilmesi beklenmektedir. Bununla birlikte uygun ambalaj teknolojisinin seçiminde depolama süresince sağlanan koruma, maliyet, gıda güvenliği, ilgili mevzuat ve kullanım sonrasındaki geri dönüşüm ya da kompostlama olanakları birlikte değerlendirilmelidir (Adam et al., 2025; He et al., 2025).

Ambalajın kullanım ölçeği de uygun teknolojinin seçiminde önemli bir etkendir. Tonlarca ürünün depolandığı silo sistemlerinde karmaşık aktif veya akıllı bileşenlerin her ürün birimine ayrı ayrı uygulanması ekonomik olmayabilir. Buna karşılık iç torbalar, büyük çuvallar, paletler veya ambalajın iç yüzeyinde kullanılan koruyucu katmanlar aracılığıyla nem ve gaz geçişini sınırlayan ya da ürün durumu hakkında bilgi veren çözümler uygulanabilir. Küçük tüketici ambalajlarında ise oksijen tutucuların, nem göstergelerinin ve izlenebilirlik etiketlerinin kullanılması daha kolaydır. Tohumluk ürünlerde ayrıca ambalaj açılmadan parti bilgilerinin doğrulanabilmesi, neme karşı koruyuculuğun sürdürülmesi ve ambalaj yeniden kapatıldığında koruyucu özelliklerin kaybolmaması önem taşır. Bu nedenle ambalaj tasarımı yalnızca laboratuvar koşullarında belirlenen film özelliklerine göre değil; dolum hızı, ısıyla kapatma koşulları, taşıma sırasında oluşabilecek delinme ve sürtünme, istifleme yükü ve kullanım sonrasında malzemelerin ayrılabilirliği gibi uygulamaya yönelik özelliklerle birlikte

değerlendirilmelidir. Böyle bütüncül bir yaklaşım, yüksek performans göstermesine rağmen uygulamada kullanımı güç olan malzemeler yerine, gerçek depolama ve taşıma koşullarında güvenilir biçimde işlev gören ambalaj çözümlerinin seçilmesine olanak sağlar (Şekil 2) (Adam et al., 2025; Mkhari et al., 2025).

Şekil 2. Tarla bitkileri ürünlerinde yeni nesil ambalajlama yaklaşımlarının ürün-özgü seçimi



Orijinal, yazar tarafından hazırlanmıştır.

Sürdürülebilir Depolama, Kalitenin Korunması ve Katma Değer

Tarla bitkileri ürünlerinde sürdürülebilir depolama, ürünü yalnızca belirli bir süre korumayı değil, üretim sürecinde kullanılan arazi, su, enerji, gübre ve iş gücüyle oluşturulan değerin hasat sonrasında da korunmasını amaçlamaktadır. Depolama sırasında meydana gelen ürün kayıpları yalnızca ekonomik zarara yol açmaz; aynı zamanda ürünün yetiştirilmesi için kullanılan doğal kaynakların ve girdilerin de boşa harcanmasına neden olur. Bu nedenle hasat sonrası kayıpların azaltılması, yeni üretim alanlarına gereksinim duyulmadan kullanılabilir gıda ve hammadde miktarının artırılmasına katkı sağlayan önemli bir sürdürülebilirlik yaklaşımıdır (Nath et al., 2024).

Önceki bölümlerde ele alınan izleme, yapay zekâ, koruma ve ambalajlama uygulamaları, sürdürülebilir depolama hedeflerine ulaşmada kullanılan başlıca araçlardır. Ancak sürdürülebilirlik, yalnızca belirli bir teknolojinin kullanılmasına değil; ürün kaybı ve kalite düşüşü azaltılırken enerji, malzeme ve işletme girdilerinin gereksiz tüketiminin de önlenmesine dayanır. Bu nedenle depolama başarısının değerlendirilmesinde ürün kaybı, kalite özelliklerinin korunması, enerji tüketimi, karbon ayak izi ve ürünün ekonomik değeri gibi göstergelerin birlikte ele alınması gerekir (Şekil 3) (Schmidt et al., 2024; Liu et al., 2026).

Şekil 3. Sürdürülebilir depolama performansının temel göstergeleri



Orijinal, yazar tarafından hazırlanmıştır.

Kaynak-Verimli Depolama Yaklaşımı

Sürdürülebilir depolamanın ilk aşaması, depoya alınan ürünün başlangıç kalitesidir. Uygun zamanda hasat edilmiş, güvenli nem düzeyine getirilmiş, yabancı maddelerden ve kırık tanelerden mümkün olduğunca arındırılmış bir ürün partisi daha az ek işlem gerektirir. Buna karşılık nemi yüksek ve yapısı düzensiz olan ürünlerde kurutma ve çevre koşullarının denetlenmesi için daha fazla enerji harcanır. Bu nedenle depolamanın çevresel etkisi yalnızca depo içinde tüketilen enerjiyle değil, hasattan depolama sürecinin sonuna kadar ürünün güvenli ve kaliteli biçimde korunması için

kullanılan toplam kaynak miktarıyla birlikte değerlendirilmelidir (Panigrahi et al., 2023).

Ürün partisinin büyüklüğü, depolama süresi ve kullanım amacı da kaynak kullanımını etkileyen önemli etmenlerdir. Kısa süre depolanacak ve bozulma riski düşük olan bir ürün partisi ile aylarca saklanacak tohumluk ya da yüksek kaliteli gıda hammaddesinin aynı yoğunlukta izlenmesi ve korunması gerekli değildir. Sürdürülebilir depolama yaklaşımı, enerji ve diğer girdilerin her koşulda en düşük düzeye indirilmesini değil, ürünün risk düzeyi ve ekonomik değeriyle uyumlu biçimde kullanılmasını amaçlar. Böylece gereksiz enerji tüketimi ve işlem maliyetleri azaltılırken, yetersiz korumadan kaynaklanabilecek kalite kayıplarının da önüne geçilebilir (Şekil 4).

Şekil 4. Sürdürülebilir depolamada kaybın azaltılması ve katma değer zinciri



Orijinal, yazar tarafından hazırlanmıştır.

Enerji Verimliliği ve Düşük Karbonlu Depolama

Kurutma, havalandırma, soğutma, taşıma ve yardımcı ekipmanların kullanımı, depolama sürecinde enerji tüketiminin başlıca kaynaklarını oluşturmaktadır. Özellikle ürünün hasat sırasındaki neminin yüksek olması, kurutma için gerekli enerji miktarını önemli ölçüde artırabilir. Uygun koşullarda düşük sıcaklıkta kurutma veya doğal havadan yararlanılması, fan ve motor kapasitelerinin gereksinime göre belirlenmesi, atık ısının yeniden kullanılması ve ekipmanların yalnızca ihtiyaç duyulan süre boyunca çalıştırılması, birim ürün başına enerji tüketiminin azaltılmasına katkı sağlayabilir. Panigrahi et al. (2023), kurutma yönteminin ve kullanılan enerji kaynağının seçiminde yalnızca enerji tüketiminin değil, karbon ayak izi ve ürün kalitesi üzerindeki etkilerin de birlikte değerlendirilmesi gerektiğini vurgulamaktadır.

Depo yapısının ısıya karşı davranışı, aktif soğutma gereksinimini doğrudan etkileyen önemli bir etmendir. Güneş ışınımını yansıtan çatı ve yüzeyler, uygun yalıtım, pasif serinletme yöntemleri ve yenilenebilir enerji kaynaklarının kullanımı, depolama sırasında enerji tüketimini ve buna bağlı emisyonları azaltabilir. Xu et al. (2023), ışınım yoluyla ısı kaybını artıran çatı uygulamalarının depo ve tane sıcaklığını düşürerek enerji tasarrufu sağlayabildiğini göstermiştir. Farklı iklim bölgelerini kapsayan daha yeni çalışmalar da bu tür uygulamaların bazı koşullarda güvenli depolama süresini uzatırken soğutma için gerekli enerji miktarını azaltabileceğini bildirmektedir (Chen et al., 2026). Bununla birlikte sürdürülebilirlik değerlendirmesinde yalnızca kullanım sırasındaki enerji tüketimi değil; yapı malzemelerinin üretimi, ekipman kullanımı, bakım gereksinimi ve sistemin kullanım ömrü boyunca ortaya çıkan çevresel etkiler de dikkate alınmalıdır (Liu et al., 2026).

Kalitenin Korunması ve Ekonomik Değer

Üründeki miktar kaybının düşük olması, ekonomik kaybın da düşük olacağı anlamına gelmez. Ürün ağırlığını büyük ölçüde korusa bile protein kalitesi, yağların dayanıklılığı, çimlenme yeteneği, renk veya işleme özelliklerinde meydana gelen bozulmalar ürünün daha düşük bir kalite sınıfında değerlendirilmesine ve değer kaybetmesine neden olabilir. Bu nedenle depolamanın amacı yalnızca ürün miktarını korumak değil, aynı zamanda kullanım amacını ve ekonomik değerini belirleyen kalite özelliklerini de sürdürmektir. Tohumluk ürünlerde canlılık ve çimlenme gücünün, ekmeklik buğdayda işleme özelliklerinin, yağlı tohumlarda oksidasyona karşı dayanıklılığın ve yemeklik baklagillerde pişme kalitesinin korunması ürünün ekonomik değerinin korunmasına doğrudan katkı sağlamaktadır (Jain et al., 2026; Nath et al., 2024).

Ürün partilerinin kalite özelliklerine göre ayrı tutulması ve uygun biçimde sınıflandırılması, depolamanın katma değer oluşturma işlevini güçlendirmektedir. Örneğin, protein içeriği yüksek buğdayın özel un üretimine, kaliteli baklagillerin doğrudan tüketim pazarına ve uygun tohumluk partilerin sertifikalı tohum üretimine yönlendirilmesi, aynı miktardaki ürünün daha yüksek ekonomik değerle pazarlanmasına olanak sağlayabilir. Buna karşılık farklı kalite düzeylerine sahip ürünlerin kontrolsüz biçimde karıştırılması, yüksek kaliteli partilerin piyasa değerinin düşmesine neden olabilir. Bu nedenle kaliteye ilişkin bilgilerin pazarlama ve kullanım kararlarında değerlendirilmesi, depolamayı yalnızca bir maliyet unsuru olmaktan çıkararak ürün değerini koruyan ve artıran bir yatırım hâline getirebilir.

Gelecek Perspektifleri ve Sonuç

Tarla bitkileri ürünlerinin depolanmasında gelecekteki temel dönüşüm, tek tek teknolojilerin yaygınlaşmasından çok, bu teknolojilerin ortak bir karar verme sistemi içinde birlikte

çalışabilmesine bağlı olacaktır. Sensörlerden, ürüne zarar vermeden yapılan kalite ölçümlerinden, görüntüleme sistemlerinden ve yapay zekâ destekli tahminlerden elde edilen veriler aynı ürün partisi için sürekli güncellenen bir kalite ve risk değerlendirmesine dönüştürüldüğünde, sabit zaman aralıklarına göre işlem yapmak yerine bozulma eğilimi ve kalan güvenli depolama süresi dikkate alınarak müdahale edilebilir. Böylece koruyucu uygulamalar yalnızca gerekli ürün partilerinde ve uygun zamanda devreye alınarak hem ürün kaybı riski hem de gereksiz enerji tüketimi azaltılabilir. Bununla birlikte bu yaklaşımın farklı ürünler, depo tipleri ve iklim koşullarında gerçek depolama ölçeğinde doğrulanması gerekmektedir (Anukiruthika & Jayas, 2024, 2025; Jain et al., 2026).

Bu dönüşüm sürecinde verilerin güvenilirliği ve farklı sistemlerin birbiriyle uyumlu çalışabilmesi, sensör veya algoritma doğruluğu kadar önemli olacaktır. Farklı cihazlardan elde edilen sıcaklık, nem, gaz, görüntü ve kalite verilerinin birlikte değerlendirilebilmesi için ölçümlerin düzenli olarak doğrulanması, eksik verilerin uygun biçimde yönetilmesi ve ürün partilerine ait bilgilerin korunması gerekir. Yapay zekâ modellerinde laboratuvar koşullarında elde edilen yüksek doğruluk tek başına yeterli değildir. Modelin hangi koşullarda güvenilir sonuç verdiğinin ve hatalı sınıflandırmaların ne tür sonuçlara yol açabileceğinin de bilinmesi gerekir. Bu nedenle kararların nasıl oluştuğu anlaşılabilir, farklı koşullarda bağımsız verilerle doğrulanmış ve zaman içindeki başarısı düzenli olarak izlenen modellerin önemi giderek artacaktır (Lutz & Coradi, 2022; Schmidt et al., 2024; Anukiruthika & Jayas, 2025).

İklim değişikliği ve artan enerji maliyetleri, geleceğin depolama sistemlerinde hem değişen koşullara uyum sağlayabilen hem de düşük karbon salımıyla çalışabilen çözümleri gerekli kılacaktır. Hasat dönemindeki nem ve sıcaklık değişimleri kurutma

ve soğutma gereksinimini artırabileceğinden, pasif ısı yönetimi, uygun yalıtım, yenilenebilir enerji kullanımı ve bölgenin iklim koşullarına uygun havalandırma yöntemleri birlikte değerlendirilmelidir. Bunun yanında, modüler yapıda, düşük maliyetli ve mevcut depolama tesislerine sonradan uyarlanabilen sistemlerin geliştirilmesi, küçük ve orta ölçekli işletmelerin de yenilikçi depolama teknolojilerinden yararlanmasını kolaylaştıracaktır (Panigrahi et al., 2023; Ngoma et al., 2024; Chen et al., 2026; Liu et al., 2026).

Gelecekte depolama teknolojilerinin seçiminde tek bir başarı ölçütü yerine ürün kaybı, kalite, güvenlik, enerji tüketimi, karbon ayak izi ve ekonomik sonuçların birlikte değerlendirildiği çok yönlü yaklaşımlar öne çıkacaktır. Yeni sistemlerin yalnızca laboratuvar koşullarındaki başarısı değil, gerçek depo koşullarında uzun süreli çalışma başarısı, bakım gereksinimi, yatırım maliyetinin geri kazanılma süresi ve ilgili mevzuata uygunluğu da değerlendirilmelidir. Böylece bir teknolojinin değeri, yalnızca teknik olarak ne kadar gelişmiş olduğuyla değil, uygulamada sağladığı toplam yararla belirlenebilir (Nath et al., 2024; Adam et al., 2025; Jain et al., 2026).

Kaynakça

Adam, H. B., Yousfi, M., Maazouz, A., & Lamnawar, K. (2025). Recycling of multilayer polymeric barrier films: An overview of recent pioneering works and main challenges. Macromolecular Materials and Engineering, 310(7), 2400414. https://doi.org/10.1002/mame.202400414

Akimsha, R., Basuru, P., Sharmilan, T., & Wanniarachchi, D. (2026). Advanced applications of electronic nose technology in grain storage and cereal product quality: A comprehensive review of freshness monitoring and mycotoxin detection - A review. Food Control, 187, 112093. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2026.112093

Alconada, T. M., & Moure, M. C. (2022). Deterioration of lipids in stored wheat grains by environmental conditions and fungal infection - A review. Journal of Stored Products Research, 95, 101914. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2021.101914

Anukiruthika, T., & Jayas, D. S. (2024). Mathematical modeling for management of stored-grain ecosystems: Approaches, opportunities, and research needs. Journal of Stored Products Research, 106, 102304. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102304

Anukiruthika, T., & Jayas, D. S. (2025). AI-driven grain storage solutions: Exploring current technologies, applications, and future trends. Journal of Stored Products Research, 111, 102588. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2025.102588

Aziz, A., Mugwaneza, G., Nshimiyimana, J. C., Rachmah, A. D., & Park, T. (2025). Moisture sensing technologies for grain storage: From single sensors to intelligent multisensory system. Precision Agriculture Science and Technology, 7(4), 421-435. https://doi.org/10.22765/pastj.20250028

Badgujar, C. M., Armstrong, P. R., Gerken, A. R., Pordesimo, L. O., & Campbell, J. F. (2023). Identifying common stored product insects using automated deep learning methods. Journal of Stored Products Research, 103, 102166. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2023.102166

Bartosik, R. E., Urcola, H. A., Cardoso, M. L., Maciel, G., & Busato, P. (2023). Silo-bag system for storage of grains, seeds and by-products: A review and research agenda. Journal of Stored Products Research, 100, 102061. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2022.102061

Bharathi, V. S. K., & Jayas, D. S. (2024). Evolution of bionanocomposites: Innovations and applications in food packaging. Foods, 13(23), 3787. https://doi.org/10.3390/foods13233787

Chen, L. (2025). Decision-making strategies in grain storage in China: From traditional methods to modern analysis. Drying Technology, 43(10), 1495-1506. https://doi.org/10.1080/07373937.2025.2544300

Chen, X.-N., Li, K., Wang, W.-H., Tu, Y., Fei, Y., Wang, J., Pei, G., Li, R., Huang, B., Lin, C., & Xu, B. (2026). Global application of radiative cooling in grain storage. Nature Communications, 17, 2574. https://doi.org/10.1038/s41467-026-69280-9

Coradi, P. C., Lutz, É., Bilhalva, N. S., Jaques, L. B. A., Leal, M. M., & Teodoro, L. P. R. (2022). Prototype wireless sensor network and Internet of Things platform for real-time monitoring of intergranular equilibrium moisture content and predict the quality corn stored in silos bags. Expert Systems with Applications, 208, 118242. https://doi.org/10.1016/j.eswa.2022.118242

Corbineau, F. (2024). The effects of storage conditions on seed deterioration and ageing: How to improve seed longevity. Seeds, 3(1), 56-75. https://doi.org/10.3390/seeds3010005

Crépon, K., Cabacos, M., Bonduelle, F., Ammari, F., Faure, M., & Maudemain, S. (2023). Using Internet of Things (IoT), near-infrared spectroscopy (NIRS), and hyperspectral imaging (HSI) to enhance monitoring and detection of grain pests in storage and handling operators. Agriculture, 13(7), 1355. https://doi.org/10.3390/agriculture13071355

Das, M., Yeo, W. S., & Saptoro, A. (2025). A review of machine learning in hyperspectral imaging for food safety. Vibrational Spectroscopy, 139, 103828. https://doi.org/10.1016/j.vibspec.2025.103828

El Arroud, F. Z., El Fakhouri, K., Zaarour, Y., Griguer, H., El Alami, R., & El Bouhssini, M. (2024). Dielectric heating for controlling field and storage insect pests in host plants and food products with varying moisture content. Heliyon, 10(12), e32765. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e32765

Fan, L., Ding, Y., Fan, D., Di, D., Pagnucco, M., & Song, Y. (2022). GrainSpace: A large-scale dataset for fine-grained and domain-adaptive recognition of cereal grains. In Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR) (pp. 21116-21125).

Feng, J., Chen, L., Liu, J., Wang, Y., Zhao, W., Wang, P., Zhang, X., & Wang, H. (2025). A review of responsive active packaging in cereal products: Applications and prospects. Food and Bioprocess Technology, 18(7), 6066–6094. https://doi.org/10.1007/s11947-025-03866-x

He, B., Gao, Y., Lou, W., Wang, J., Xin, S., Ma, K., & Li, L. (2025). Biodegradable food packaging films: Material source,

mechanical and water vapor barrier properties, and improvement strategies-A comprehensive review. Food Research International, 211, 116431. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2025.116431

Jain, P., Alam, M. S., Saini, M. K., & Aslam, R. (2026). Recent technological innovations and strategies for reducing post-harvest losses during bulk grain storage: Applications of IoT and non-destructive quality evaluation. Journal of Stored Products Research, 116, 102893. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2025.102893

Kabir, M. A., Lee, I., Singh, C. B., Mishra, G., Panda, B. K., & Lee, S.-H. (2025). Detection of mycotoxins in cereal grains and nuts using machine learning integrated hyperspectral imaging: A review. Toxins, 17(5), 219. https://doi.org/10.3390/toxins17050219

Kadirvel, V., Palanisamy, Y., & Ganesan, N. D. (2025). Active packaging system-An overview of recent advances for enhanced food quality and safety. Packaging Technology and Science, 38(2), 145-162. https://doi.org/10.1002/pts.2863

Kaur, S., Kumar, Y., Singh, V., Kaur, J., & Panesar, P. S. (2024). Cold plasma technology: Reshaping food preservation and safety. Food Control, 163, 110537. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2024.110537

Labrot-Rhodes, L., Campo, E., & Poujaud, P. (2025). Review of monitoring systems for stored grains in a modified atmosphere. Heliyon, 11(3), e42347. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2025.e42347

Liang, Y., Li, Z., Shi, J., Zhang, N., Qin, Z., Du, L., Zhai, X., Shen, T., Zhang, R., Zou, X., & Huang, X. (2025). Advances in hyperspectral imaging technology for grain quality and safety detection: A review. Foods, 14(17), 2977. https://doi.org/10.3390/foods14172977

Lin, J., Yan, X., Zhou, Y., Zhu, G., Ariyo, O. S., Wang, S., Chen, J., Zhu, Y., Wang, C., Li, D., & Xiao, H. (2025). Modified atmosphere and ozone treatment technologies in stored grain pest control: Mechanism, applications and challenges. Agricultural Products Processing and Storage, 1, 16. https://doi.org/10.1007/s44462-025-00017-5

Liu, Q., Hou, S., Zhang, Y., Zhou, D., Zhao, S., Guo, L., Zhuang, X., & Ding, C. (2024). Applications of novel non-thermal physical field technologies in enhancing the quality and storage stability of grains. Journal of Stored Products Research, 108, 102398. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102398

Liu, R., Yu, F., Ouyang, M., Zhao, Q., & Wen, Y. (2026). Towards low-carbon grain storage buildings: A systematic review of assessment methods and mitigation strategies. Energy and Buildings, 367, 117795. https://doi.org/10.1016/j.enbuild.2026.117795

Lutz, É., & Coradi, P. C. (2022). Applications of new technologies for monitoring and predicting grains quality stored: Sensors, Internet of Things, and Artificial Intelligence. Measurement, 188, 110609. https://doi.org/10.1016/j.measurement.2021.110609

Mathavaraj, P., Muthusamy, V., Katral, A., Mandal, P., Zunjare, R. U., & Hossain, F. (2025). Lipoxygenases (LOXs): Will turning off this genetic switch help safeguard the flavor and nutritional quality of stored lipid-rich staple foods? Food Chemistry, 470, 142637. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2024.142637

Miao, Y.-H., Zong, L.-Y., & Su, W.-H. (2025). Machine learning in VIS/NIR spectroscopy and hyperspectral imaging for rapid detection of staple foods quality and safety: A review. Journal of Food Composition and Analysis, 148, 108422. https://doi.org/10.1016/j.jfca.2025.108422

Mkhari, T., Adeyemi, J. O., & Fawole, O. A. (2025). Recent advances in the fabrication of intelligent packaging for food preservation: A review. Processes, 13(2), 539. https://doi.org/10.3390/pr13020539

Nath, B., Chen, G., O'Sullivan, C. M., & Zare, D. (2024). Research and technologies to reduce grain postharvest losses: A review. Foods, 13(12), 1875. https://doi.org/10.3390/foods13121875

Ngoma, T. N., Monjerezi, M., Leslie, J. F., Mvumi, B. M., Harvey, J. J., & Matumba, L. (2024). Comparative utility of hermetic and conventional grain storage bags for smallholder farmers: A meta-analysis. Journal of the Science of Food and Agriculture, 104(2), 561–571. https://doi.org/10.1002/jsfa.12934

Odjo, S., Regalado, J. G., Tejeda, A. S., Guera, M., & Verhulst, N. (2025). Hermetic bags remain effective in minimizing storage loss after four successive cycles of reuse in Mexican highlands. Journal of Stored Products Research, 110, 102480. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102480

Pande, A., Paliwal, J., Jian, F., & Bakker, M. G. (2025). Mechanisms and application of mycotoxin decontamination techniques in stored grains. Journal of Stored Products Research, 111, 102486. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102486

Panigrahi, S. S., Luthra, K., Singh, C. B., Atungulu, G., & Corscadden, K. (2023). On-farm grain drying system sustainability: Current energy and carbon footprint assessment with potential reform measures. Sustainable Energy Technologies and Assessments, 60, 103430. https://doi.org/10.1016/j.seta.2023.103430

Perera, D., Devkota, L., Garnier, G., Panozzo, J., & Dhital, S. (2023). Hard-to-cook phenomenon in common legumes:

Chemistry, mechanisms and utilisation. Food Chemistry, 415, 135743. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2023.135743

Priyadarsani, S., Pradhan, A. K., & Jena, P. C. (2023). Smart food grain storage system using Internet of Things (IoT): A review. ORYZA-An International Journal of Rice, 60(3), 371-387. https://epubs.icar.org.in/index.php/OIJR/article/view/143147

Schmidt, D., Casagranda, L. F., Butturi, M. A., & Sellitto, M. A. (2024). Digital technologies, sustainability, and efficiency in grain post-harvest activities: A bibliometric analysis. Sustainability, 16(3), 1244. https://doi.org/10.3390/su16031244

Siripatrawan, U., & Makino, Y. (2024). Assessment of food safety risk using machine learning-assisted hyperspectral imaging: Classification of fungal contamination levels in rice grain. Microbial Risk Analysis, 27-28, 100295. https://doi.org/10.1016/j.mran.2024.100295

Sitoe, E. da P. E., Pacheco, F. C., & Chilala, F. D. (2025). Advances in ozone technology for preservation of grains and end products: Application techniques, control of microbial contaminants, mitigation of mycotoxins, impact on quality, and regulatory approvals. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 24(3), e70173. https://doi.org/10.1111/1541-4337.70173

Stathas, I. G., Sakellaridis, A. C., Papadelli, M., Kapolos, J., Papadimitriou, K., & Stathas, G. J. (2023). The effects of insect infestation on stored agricultural products and the quality of food. Foods, 12(10), 2046. https://doi.org/10.3390/foods12102046

Wang, P., Zhu, H., & Yi, C. (2026). Innovative applications of cold plasma treatment for enhancing the safety and quality of cereal grains and their processed products: A comprehensive review. Trends in Food Science & Technology, 168, 105516. https://doi.org/10.1016/j.tifs.2025.105516

Xu, W., Gong, S., Wang, N., Zhao, W., Yin, H., Yang, R., Yin, X., & Tan, G. (2023). Temperature reduction and energy-saving analysis in grain storage: Field application of radiative cooling technology to grain storage warehouse. Renewable Energy, 218, 119272. https://doi.org/10.1016/j.renene.2023.119272

Zhang, Q., Li, H., Lv, P., Xiao, L., Wang, C., Zhao, H., & Jing, S. (2026). GFRnet: A grain fast recognition network for detecting unsound wheat kernels in grain storage. Journal of Stored Products Research, 115, 102830. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2025.102830

Zhang, Q., Wang, J., Lv, P., Wang, A., Lv, L., Zhang, M., & Wang, J. (2025). MSPCNeXt: Multi-scale parallel convolution for identifying unsound kernels in stored wheat. Journal of Stored Products Research, 111, 102559. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2025.102559

Zhao, Y., Han, G., Li, Y., & Lv, H. (2024). Changes in quality characteristics and metabolites composition of wheat under different storage temperatures. Journal of Stored Products Research, 105, 102229. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2023.102229

Ziegler, V., Paraginski, R. T., & Ferreira, C. D. (2021). Grain storage systems and effects of moisture, temperature and time on grain quality - A review. Journal of Stored Products Research, 91, 101770. https://doi.org/10.1016/j.jspr.2021.101770


BİDGE